

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46375 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00722 (22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.			

BEST AVAILABLE COPY

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder
10 regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
20 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im
25 einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives
30 Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von
35 Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

45 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

5 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

10 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

20 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

40 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

45 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als
5 Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.
10

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

15 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

20 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf
25 Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für
30 den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank
15 aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

20 Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den
25 Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig,
35 daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und
45 Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

- 10 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- 15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J.,
20 Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten
25 dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
20	Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
30	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
35	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
50	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
10	Blase 0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902	0.775i
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
30	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duendarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
35	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
FOETUS				
40	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
45	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
55	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
60	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
65	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0000			

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
15	Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819
	Endokrines Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064
	Gastrointestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754
	Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
	Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
25	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
30	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duennndarm	0.0093			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
45	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
50	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von *thaliana* von *Caenorhabditis elegans*.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkörperchen	0.0009			
40	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
15	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0078			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern Blots gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0418	0.0383	1.0911	0.9165
	Brust	0.0267	0.0218	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0093	0.0142	0.6550	1.5267
	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
20	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0463	0.0356	1.2997	0.7694
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0312			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0174			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0370
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.1156
	Eierstock-Uterus	0.0525
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 3

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	0.0022	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	0.0027	0.0027	4.0187	0.2488
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0077	0.0077	0.0077	0.8847	1.1303
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	0.0065	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0064	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0137	0.0137	0.0137	0.2171	4.6066
20	Pankreas	0.0019	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	0.0043	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Niere	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0136	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
50	Foetal	0.0035	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0156	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0192	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
10	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0234			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0107	0.0131	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0170	0.0088	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0098	0.0378	0.2587	3.8650
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0142	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
20	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0387	0.0980	10.2089
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0492			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0232		0.0026		9.0924	0.1100
	Brust	0.0187		0.0087		2.1405	0.4672
	Eierstock	0.0122		0.0156		0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0219		0.0136		1.6075	0.6221
	Gastrointestinal	0.0116		0.0190		0.6107	1.6375
10	Gehirn	0.0119		0.0142		0.8337	1.1995
	Haematopoetisch	0.0126		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0159		0.0137		1.1561	0.8650
15	Hoden	0.0122		0.0351		0.3482	2.8716
	Lunge	0.0187		0.0378		0.4938	2.0251
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0307		0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0120		0.8565	1.1675
	Niere	0.0238		0.0000		undef	0.0000
20	Pankreas	0.0076		0.0055		1.3713	0.7292
	Penis	0.0180		0.0267		0.6739	1.4840
	Prostata	0.0214		0.0085		2.5169	0.3973
	Uterus	0.0132		0.0285		0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0291					
25	Duenn darm	0.0156					
	Prostata-Hyperplasie	0.0268					
	Samenblase	0.0356					
	Sinnesorgane	0.0235					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0307					
35	Gastrointestinal	0.0247					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0236					
	Herz-Blutgefuesse	0.0286					
	Lunge	0.0111					
40	Niere	0.0371					
	Prostata	0.0997					
	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0023					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0064					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0312					
55	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817	
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562	
	Gehirn	0.0085	0.0219	0.3871	2.5836	
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000	
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus	0.0182	0.0000	undef	0.0000	
25	Brust-Hyperplasie	0.0036				
	Duenndarm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0089				
	Samenblase	0.0267				
	Sinnesorgane	0.0000				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS						
%Haeufigkeit						
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0062				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041				
	Lunge	0.0037				
	Niere	0.0124				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0272				
	Eierstock-Uterus	0.0046				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0047				
	Gastrointestinal	0.0000				
55	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0050				
60	Prostata	0.0128				
	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35		
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50		
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	_Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
60	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
		Brust 0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
		Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
		Gehirn 0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
		Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15		Herz 0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
		Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20		Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
		Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
		Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
25		Brust-Hyperplasie 0.0036			
		Duenndarm 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0178			
		Sinnesorgane 0.0000			
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0062			
		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0157			
40		Herz-Blutgefuesse 0.0082			
		Lunge 0.0037			
		Niere 0.0000			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
45					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0068			
		Eierstock-Uterus 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0047			
		Gastrointestinal 0.0000			
55		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0000			
60		Prostata 0.0192			
		Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9993	1.0007
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
25	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
	FOETUS				
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50					
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0011	6.1928	0.1615
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
45	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0183
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
	Gastrointestinal 0.0000
55	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
60	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 27

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
60	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0065	1.4270	0.7008
	Eierstock	0.0091	0.0130	0.7012	1.4262
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0039	0.0190	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0074
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0297
	Endokrines_Gewebe	0.0245
50	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		
	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0050	0.0356	0.1393	7.1813
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
45	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0332	0.9792	1.0213
	Brust	0.0293	0.0196	1.4950	0.6689
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451	1.5502
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0636	0.1649	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841	0.4378
	Niere	0.0208	0.0137	1.5196	0.6581
20	Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142	0.5834
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1045			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0148			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.1224			
50	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 44

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0372	0.0230	1.6164	0.6186
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0300	0.4262	2.3462
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0333	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0059	0.0471	0.1260	7.9354
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0259	0.1913	5.2277
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4644	0.6829
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0274	0.0189	1.4485	0.6904
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0333	0.0106	3.1322	0.3193
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0280			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0222
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0183
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0227
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0256
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059	0.2852
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0495	0.0065	7.6515	0.1307
	Herz	0.0074	0.0137	0.5395	1.8535
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513	0.5402
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0333	0.0149	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenndarm	0.1028			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0462			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860	11.6263
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5					
	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35					
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50					
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

70

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0844	0.2204	4.5368
	Brust	0.0560	0.0370	1.5110	0.6618
	Eierstock	0.0395	0.0260	1.5192	0.6582
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0245	0.5209	1.9196
10	Gastrointestinal	0.0775	0.0857	0.9047	1.1053
	Gehirn	0.0254	0.0350	0.7257	1.3779
	Haematopoetisch	0.0364	0.0378	0.9610	1.0406
	Haut	0.2188	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0582	0.3401	2.9406
	Herz	0.1112	0.1787	0.6225	1.6064
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.1133	0.0804	1.4097	0.7094
20	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0307	2.2049	0.4535
	Muskel-Skelett	0.1696	0.0300	5.6530	0.1769
	Niere	0.0684	0.0753	0.9078	1.1016
	Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
25	Penis	0.0749	0.1066	0.7019	1.4246
	Prostata	0.0715	0.0106	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0611	0.0214	2.8624	0.3494
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
30	Duenndarm	0.0997			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0941			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0670			
40					
45					
50					
55					
60					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
10	Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
	Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
	Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
20	Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duennndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointental	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
50	Eierstock-Uterus	0.0571			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0310			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 217

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0094	0.4149	2.4102
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0153	0.0028	5.3823	0.1858
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0114	0.2826	3.5381
	Gehirn	0.0072	0.0060	1.2090	0.8271
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9348
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0107	0.0037	2.8941	0.3455
	Magen-Speiser.	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9284	1.0771
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4776
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0031	0.0092	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerper.	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0203
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0161			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0185	0.0211	0.8767	1.1406
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0305	0.0266	1.1468	0.8720
	Gehirn	0.0393	0.0189	2.0767	0.4815
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0447	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0240	1.1739	0.8519
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0074	2.0875	0.4790
20	Niere	0.0269	0.0193	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0311			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0310			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0088	0.0070	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0153	0.0085	1.7941	0.5574
	Duendarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0059	0.0262	0.2262	4.4200
	Endokrines_Gewebe	0.0337	0.0142	2.3766	0.4208
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0185	0.0111	1.6663	0.6001
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0160	0.0065	2.4600	0.4065
	T_Lymphom	0.0152	0.0299	0.5072	1.9717
	Uterus	0.0089	0.0046	1.9277	0.5188
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0079	0.0056	1.4090	0.7097
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0052	0.0040	1.3056	0.7659
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0129	0.9021	1.1085
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7139	0.2693
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0304	0.2480	4.0326
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0774
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.0047	7.4677	0.1339
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0273	0.0117	2.3233	0.4304
	Brust	0.0150	0.0098	1.5208	0.6576
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0024	3.7330	0.2679
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0069	0.0100	0.6963	1.4361
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0111	0.6139	1.6289
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0037	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0141	0.0169	0.8348	1.1978
	T_Lymphom	0.0202	0.0075	2.7049	0.3697
	Uterus	0.0177	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0187			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0155
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0018	0.0112	0.1566	6.3876
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0143	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0066	0.0065	1.0129	0.9872
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0136	0.5519	1.8120
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0075	0.0050	1.5087	0.6628
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0088	0.0111	0.7893	1.2669
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0090	0.0048	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0113	0.0013	8.6822	0.1152
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0035	0.0020	1.7408	0.5745
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0025	0.0089	0.2799	3.5727
	Dickdarm	0.0057	0.0228	0.2523	3.9638
	Duendarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0095	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0033	2.9275	0.3416
	Gehirn	0.0134	0.0050	2.6904	0.3717
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6928
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3158	0.7600
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0092	0.3604	2.7748
	Prostata	0.0113	0.0078	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0033	0.0173	0.1901	5.2613
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5702	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0023	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0047			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0125			
	Eierstock_t	0.0379			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0066			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0090			
	Hoden_n	0.0169			
60	Hoden_t	0.0228			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0191			
	Niere_t	0.0495			
65	Ovar_Uterus	0.0325			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0056	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0048	3.1108	0.3215
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0060	1.0638	0.9400
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 230

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0042	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0072	2.0739	0.4822
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0106	0.7545	1.3254
	Gehirn	0.0046	0.0060	0.7737	1.2925
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0185	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0230	0.0643	15.5627
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0376			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0310			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 231

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0110	0.0213	0.5153	1.9406
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0053	1.2071	0.8284
	Gehirn	0.0064	0.0140	0.4559	2.1934
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0254	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0418
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 232

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0150	0.0056	2.6614	0.3757
	Dickdarm	0.0038	0.0199	0.1922	5.2023
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0215	0.5530	1.8082
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959
15	Herz	0.0142	0.0137	1.0337	0.9674
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1353	0.3190
	T_Lymphom	0.0101	0.0224	0.4508	2.2182
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0134			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0376			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0338			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 233

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0293
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 234

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0056	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0018	2.7161	0.3682
	Gehirn	0.0035	0.0010	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 236

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0194	0.0084	2.2961	0.4355
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0053	2.4143	0.4142
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0092	0.6315	1.5836
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0118	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0134			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0045
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 237

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0176	0.0070	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0069	0.0010	6.9631	0.1436
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0085	0.0026	3.2558	0.3071
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0203
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 238

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0026	4.3411	0.2304
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 239

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0094	1.6595	0.6026
	Brust	0.0141	0.0225	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0172	0.0085	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0237	0.0262	0.9050	1.1050
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0160	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0197	0.0269	0.7307	1.3686
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0190	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0166	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0112	0.0289	0.3869	2.5849
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
	Prostata	0.0141	0.0039	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0148	0.0184	0.8032	1.2450
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0168
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden_n	0.0125
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0261
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0243
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 240

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0041	0.0020	2.0309	0.4924
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0039	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0485
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 241

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0320	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0199	0.0580	17.2337
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0085	0.0052	1.6279	0.6143
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0103	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 242

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0035	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0045
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 243

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0012	0.0090	0.1289	7.7552
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0013	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 244

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0097	0.0070	1.3777	0.7259
	Dickdarm	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0071	1.1317	0.8836
	Gehirn	0.0075	0.0080	0.9429	1.0605
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0111	1.5463	0.6467
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0198	0.0078	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0163	0.0046	3.5341	0.2830
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0081
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 245

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0134	0.0028	4.7095	0.2123
	Duendarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0037	3.1573	0.3167
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0207	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0607	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0080			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0387			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 246

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0141	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0115	0.0028	4.0367	0.2477
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0030	2.1276	0.4700
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0058	0.0074	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 247

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0106	0.0056	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0096	0.0142	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0231	0.0696	14.3590
	Gehirn	0.0139	0.0040	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0127	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0081	0.0275	0.2954	3.3858
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0152	0.0224	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0607	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

30

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0156
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0181
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0232
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama
15 vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen
20 Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-
25 Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm
30 e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb
35 (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der
 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in
 10 ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen
 PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-
 Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die
 die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der
 Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen
 15 der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone
 eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199- D17S1548	207	707	
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	PCCMT		1p36.31	D1S2145- D1S2132	215	1265	
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON- JUGAT_2	1q21.2	D1S3384- D1S305	225	1330	
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535	231	762	
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des TEGT-Proteins aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532	246	1228	
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	rrm	6p21.2	NIB1566-WI- 4186	243	914	
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558- D1S232	315	1126	
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANER PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR		19q13.1		210	573	
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601	244	486	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532	215	662	
19	ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		2q35	D2S433-D2S295	225	750	
21	ca. 3x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben	Homolog zu JANUS-A aus Drosophila melanogaster		9q34.13	D9S158-D9S2053	229	1001	
23	stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968	184	580	
24	5x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	EIF-6		20q11.1-q11.22		237	740	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Homolog zu HUMANem SORCIN		1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548	219	975	
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912	259	854	
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1 - 11q13.5	SHGC-15247-NIB715	288	802	
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944	224	807	
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717	276	777	
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521	284	1104	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085	208	810	
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150	223	826	
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	Id1	HLH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765	293	799	
39	in Prostata Tumoren erhöht	C1 inhibitor	serpin	11p13-11q13.1	SHGC-30227-D11S1983	262	1743	
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867	267	1183	
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371	270	768	
43	ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493	279	1029	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833	237	736	
46	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480	259	1159	
47	in normalem prostaticischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	Unbekannt		6q13-q21		159	690	
51	in normalem Prostata-gewebe und in haematopoetischen Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674	250	1186	
52	in normalem Prostata-gewebe und in Gehirntumoren erhöht	SPARC	kazal	5q21.1-q33.2	WI-7565-WI-6351	261	1029	
53	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197	261	985	
54	in normalem Prostata-gewebe und in Skelettumoren erhöht	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448	246	622	
55	in normalem Prostata-gewebe und hepatischen Tumoren erhöht	B4-2		6q16.2	D6S1644-D6S2057	239	1129	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442	160	877	
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Methyl-CpG bindendes Protein MBD2		18q21.32-18q21.32		288	1329	
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	697	
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5	378	1389	
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200	260	535	
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
64	1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149	302	1860	
217	2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt	UBIQUITIN_CON JUGAT	1q21.2	D1S3384-D1S305		1880	6

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
218	2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535		1024	7
219	2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Humanes Homolog des TEGT aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532		2383	8
220	2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	TXBP151	COILS	7p21.3-7p14.1	D7S2363		3210	12
221	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601		1030	17
222	2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551- D10S532		1216	18
223	0.8348 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Homolog zu HYA22		2q35	D2S433- D2S295		2369	19
224	1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968		849	23

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
225	8.6822 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HUMANem SORCIN	EF_HAND_2	1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548		1502	26
226	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912		1892	27
227	2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944		1522	29
228	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717		2016	30
229	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt					765	31
230	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521		1611	32
231	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085		1473	33
232	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150		2503	35

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
233	2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765		1756	37
234	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata-tumor gefunden	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867		1286	41
235	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata-tumor gefunden	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371		1230	42
236	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Stat5b		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493		2328	43
237	3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833		1767	44
238	4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480		2311	46
239	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	SDP3	PX	6q13-q21			1772	47
240	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata-tumor exprimiert	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674		2409	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
241	1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	53
242	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	54
243	3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442		1206	58
244	2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
247	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>ID No.</u>	<u>ORF Sequenz ID No</u>							
2	66							
3	67	68	69	70				
4	71							
6	73							
7	74							
8	75							
9	82							
10	83							
12	90							
14	91							
16	92							
17	93							
18	97	98	99	100	101			
19	102	103	104	105				
21	109							
23	111	112	113					
24	114							
26	116							
27	117	118	119					
28	120	121	122	123	124			
29	128							
30	129	130	131					
31	132							
32	133							
33	134	135	136	137				
35	139	140	141	142	143	144	145	146
36	147	148	149					
39	152							
41	154	155	156	157				
42	158	159	160	161				
43	162	163	164					
44	165							
46	168	169	170	171	172			
47	173							
51	183	184	185	186	187			
52	188	189	190	191	192	193		
54	194							
55	195							
58	201							
59	202	203	204	205	206			
60	207	208	209					
61	210							
62	214	215	216					
217	248							
218	249	250						
219	251							
220	252							
221	253							

<u>DNA-Sequenz</u>	<u>ORF Sequenz</u>
<u>ID No.</u>	<u>ID No</u>
222	254 255
223	256
224	257
225	258
226	259 260
227	261 262
228	263
229	264 265
230	266
231	267 268
232	269
233	270 271
234	272 273
235	274 275
236	276 277
237	278 279
238	280 281
239	282
240	283 284
241	285 286
242	287 288
243	289 290
244	291 292
245	293
246	294
247	295

5 Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1672
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671
- 15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Prostatagewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- 25 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1437 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
CTCCTTGGAA GTCCCTTCC AGCTCCCAGC CTCTGCCCCA GGTTCGGCT CCGGCTCAGA 60
GCCAGACACA GTTCCATGTT CAGCCCCAGC CCCAGCCCCA GCCTCAGGTC CAACTCCATG 120
TCCAGTCCCA GACCCAGCCT GTGTCTTTGG CTAACACCCA GCCCCGAGGG CCCCAGCCT 180
10 CATCTCCGGC TCCAGCCCCT AAGTTTTCTC CAGTGA CTCC TAAGTTTACT CCTGTGGCTT 240
CCAAGTTCAG TCCTGGAGCC CCAGGTGGAT CTGGGTACAC ACCAAATCAA AAATTGGGGC 300
ACCCCGAAGC TCTTTCTGCT GGCACAGGCT CCCCTCAACC TCCCAGCTTC ACCTATGCCC 360
AGCAGAGGGA GAAGCCCCGA GTGCAGGAGA AGCAGCACC CGTGCCCCCA CCGGCTCAGA 420
ACCAAAACCA GGTGCGCTCC CCTGGGGCCC CAGGGCCCCCT GACTCTGAAG GAGGTGGAGG 480
15 AGCTGGAGCA GCTGACCCAG CAGCTAATGC AGGACATGGA GCATCCTCAG AGGCAGAATG 540
TGGCTGTCAA CGAACTCTGC GGCCGATGCC ATCAACCCCT GGCCCGGGCG CAGCAGCCGT 600
CCGCGCTCTA GGGCAGCTGT TCCACATCGC CTGCTTCACC TGCCACCAGT GTGCGCAGAG 660
CTCCAGGGCC AGCAGTTCTA CAGTCTGGAG GGGGCGCCGT ACTGCGAGGG CTGTTACACT 720
GACACCTTGG AGAAGTGTA CACCTGCGGG GAGCCCATCA CTGACCGCAT GCTGAGGGCC 780
20 ACGGGCAAGG CCTATCACCC GCACTGCTTC ACCTGTGTGG TCTGCGCCCG CCCCTGGAG 840
GGCACCTCCT TCATCGTGGA CCAGGCCAAC CGGCCCACT GTGTCCCCGA CTACCACAAG 900
CAGTACGCCC CGAGGTGCTC CGTCTGCTCT GAGCCCATCA TGCCTGAGCC TGGCCGAGAT 960
GAGACTGTGC GAGTGGTCGC CCTGGACAAG AACTTCCACA TGAAGTGTTA CAAGTGTGAG1020
GACTGCGGGA AGCCCCTGTC GATTGAGGCA GATGACAATG GCTGCTTCCC CCTGGACGGT1080
25 CACGTGCTCT GTCGGAAGTG CCACACTGCT AGAGCCAGA CCTGAGTGAG GACAGGCCCT1140
CTTCAGACCG CAGTCCATGC CCCATTGTGG ACCACCCACA CTGAGACCAC CTGCCCCCAC1200
CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCACA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG1260
TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT1320
CCTCGCCCAT CCTGCAGGGA TTGCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC1380
30 AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCAG 1437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 707 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTTC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCTTG	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGGCG	CCGTCTACCT	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
	TGGGGCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTTACGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCTCC	AAAGATTTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTCGGTG	GCCCCCTCCA	AGGCCCGCGA	GTAATCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCACC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCCCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GACTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTGAAAAAA	AAAAAAA		707

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	CACTGGGATG	GGCATACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAACA	CGTCAANGTT	60
	TTTATACTCA	GATGTGGGAG	CGACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	AATGGGCAGA	CATTTGGTTA	ATTGTGCCAG	ATACCTAAAA	TGTATGTTCA	GAAAAGCATT	180
45	TTATCAACTC	AGAAATATGA	CTTATTTCTA	GATTTTCATGG	CTTAATGAAT	TTTTTCATTG	240
	TTATATATAC	CAAAGAGGCT	TACGGGTTCA	TTGATTGGTT	TGAAAACCAG	ACAGACGGCC	300
	GTGAGCCACC	ACGCCCAGCC	AAGATGAACT	CCTTAAGGAC	AGGATTTGGT	AAGTGATTGA	360
	CTTCTTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTTA	GCAGTGGCAG	420
	GGCCCGTGGA	GAATCAGGTT	AATGAGGTAA	AGGCTTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	480
50	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAACTG	TCAAGAGATT	TATTTTTCCTA	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAAATAGG	TACTGTCAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	CATAGAGTGA	AGCCTTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720


```

CTTCACGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTTCATTTA 780
CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTCCCTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 840
GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 900
CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 960
5 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCCC CCTCTGTCAT1020
GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT1080
TGGGAAGACCC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAACTGAA1140
CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTACA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTCAAAATT1200
TGGAAATTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT1260
10 GGATT 1265

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

```

CTTGAGAGAG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60
GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120
GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180
40 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240
AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAACTTGG CCATCCTAGA 300
GAAAATTTAA AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360
GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420
CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCT 480
45 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540
AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600
TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660
CATGGAACCT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720
GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCACGAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780
50 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840
AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900
CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960
CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA1020

```

TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC1080
 TGACTIONACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCTTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA1140
 GAAACTTTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC1200
 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG1260
 5 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAC AATTACAGTT1320
 TGTTAATTTG 1330

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT 120
 35 GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCTCTGG TGTCAGAGCG 180
 GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA 240
 GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG 300
 TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT 360
 GCAGCGGTTC AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 420
 40 TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA 480
 GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT 540
 TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA 600
 GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT 660
 GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT 720
 45 CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACC AA 762

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE:1228 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
20  GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
    TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
    GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
    GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240
    TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300
25  GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
    AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
    AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
    GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
    TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600
30  TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTTAC TGAGTAACTA 660
    AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
    ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
    TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
    ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
35  CTGTTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCCTCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
    CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020
    CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTACT TTTGAATGTT ACAAAGGAA ATAACTTTAA1080
    AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTTCC AGAATACAAA1140
    CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTGTCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200
40  TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA 1228
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

15	GGCGGTGGTC	CGCCATTTTCG	TGGACGCCCGG	GTGAGTGAGA	GAGTTGGTTG	GTGTTGGGCC	60
	GGAGGAAAGC	GGGAAGACTC	ATCGGAGCGT	GTGGATTTGA	GCCGCCGCAT	TTTTTAACCC	120
	TAGATCTCGA	AATGCATCGT	GATTCTGTGC	CATTGGACTG	TAAGGTTTAT	GTAGGCAATC	180
	TTGGAAACAA	TGGCAACAAG	ACGGAATTGG	AACGGGCTTT	TGGCTACTAT	GGACCACTCC	240
	GAAGTGTGTG	GGTTGCTAGA	AACCCACCCG	GCTTTGCTTT	TGTTGAATTT	GAAGATCCCC	300
20	GAGATGCAGC	TGATGCAGTC	CGAGAGCTAG	ATGGAAGAAC	ACTATGTGGC	TGCCGTGTAA	360
	GAGTGGAAC	GTCGAATGGT	GAAAAAAGAA	GTAGAAATCG	TGGCCCACCT	CCCTCTTGGG	420
	GTCGTCGCCC	TCGAGATGAT	TATCGTAGGA	GGAGTCCTCC	ACCTCGTCGC	AGATCTCCAA	480
	GAAGGAGAAG	CTTCTCTCGC	AGCCGGAGCA	GGTCCCTTTC	TAGAGATAGG	AGAAGAGAGA	540
	GATCGCTGTC	TCGGGAGAGA	AATCACAAGC	CGTCCCGATC	CTTCTCTAGG	TCTCGTAGTC	600
25	GATCTAGGTC	AAATGAAAGG	AAATAGAAGA	CAGTTTGCAA	GAGAAAGTGGT	GTACAGGAAA	660
	TTACTTCATT	TGACAGGAGT	ATGTACAGAA	AATTCAAGTT	TTGTTTGAGA	CTTCATAAGC	720
	TTGGTGCAAT	TTTAAGATGT	TTTAGCTGTT	CAAATCTGTT	TGTCTCTTGA	AACAGTGACA	780
	CAAAGGTGTA	ATTCTCTATG	GTTTGAAATG	GATCATACGA	GGCATGTAAT	ACCAAGAATT	840
	GTTACTTTAC	AATGTTCCCT	TAAGCCAAAA	TTGAATTTGC	TTTGAACTTT	TAGTTATGCA	900
30	CAGACTGATA	ATAA					914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1126 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

5
 10
 15
 20
 25

```

GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA 60
CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120
TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180
CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCTCTCT 240
ATTTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300
CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAAC TGCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360
GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420
TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480
TGTTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540
GAATCTCGCT GACTGTCAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600
GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTT TGCCTGAGAT 660
GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720
GGGGAATGCT GGCTGTCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCCTCTCT 780
CTGTCACTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTCGCCAA 840
GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTCC AAAACTGGCT 900
GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960
GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTTCGAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG 1020
GGGCCCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG 1080
CTGCCCAGAA CCCCACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTTC TGTGAC 1126

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30
- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

50

```

TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120
AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180

```

TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT 240
 ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG 300
 TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTG 360
 TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA 420
 5 AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT 480
 ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGC 538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CCCTACAAC TGGTTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG 60
 GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTACCCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG 120
 35 TCTCCACACC CAGGAGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC 180
 CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG 240
 CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG 300
 ACCCATTGAT AGGGAAGAGA G 321

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:847 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15 AGACAAATCT TCTGCATGTC GGAGGAACGG GAATTATTCT GATGAAAAGA AAGATGCTAT 60
GTATTGGGAA AAAAGGCGGA AAAATAATGA AGCTGCCAAA AGATCTCGTG AGAAGCGTCG 120
ACTGAATGAC CTGGTTTTAG AGAACAAACT AATTGCACTG GGAGAAGAAA ACGCCACTTT 180
AAAAGCTGAG CTGCTTTTAC TAAAATTAAA GTTTGGTTTA ATTAGCTCCA CAGCATATGC 240
TCAAGAGATT CAGAACTCA GTAATTCTAC AGCTGTGTAC TTTCAAGATT ACCAGACTTC 300
CAAATCCAAT GTGAGTTCAT TTGTGGACGA GCACGAACCC TCGATGGTGT CAAGTAGTTG 360
20 TATTTCTGTC ATTAAACACT CTCCACAAAG CTCGCTGTCC GATGTTTCAG AAGTGTCTC 420
AGTAGAACAC ACGCAGGAGA GCTCTGTGCA GGAAGCTGC AGAAGTCCTG AAAACAAGTT 480
CCAGATTATC AAGCAAGAGC CGATGGAATT AGAGAGCTAC ACAAGGGAGC CAAGAGATGA 540
CCGAGGCTCT TACACAGCGT CCATCTATCA AAATATATG GGGAATTCTT TCTCTGGGTA 600
CTCACACTCT CCCCCACTAC TGCAAGTCAA CCGATCCTCC AGCAACTCCC CGAGAACGTC 660
25 GGAAACTGAT GATGGTGTGG TAGGAAAGTC ATCTGATGGA GAAGACGAGC AACAGGTCCC 720
CAAGGGCCCC ATCCATTCTC CAGTTGAACT CAAGCATGTG CATGCAACTG TGGTTAAAGT 780
TCCAGAAGTG AATTCCTCTG CCTTGCCACA CAAGCTCCGG ATCAAAGCCA AAGCCATGCA 840
GATCAAA 847

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 573 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5 GGAGGCTGCT GGGGGCGGCG CGTCCAGCTC TGGGCCAGGG GGTCCAAAGT GCTCAGCCCC 60
CGGGGCACAG CAGGACGTTT GGGGGCCTTC TTTCAGCAGG GGACAGCCCG ATTGGGGACA 120
ATGGCGTCTC TTGGCCACAT CTTGGTTTTTC TGTGTGGGTC TCCTCACCAT GGCCAAGGCA 180
GAAAGTCCAA AGGAACACGA CCCGTTCACT TACGACTACC AGTCCCTGCA GATCGGAGGC 240
CTCGTCATCG CCGGGATCCT CTTTCATCCTG GGCATCCTCA TCGTGCTGAG CAGAAGATGC 300
CGGTGCAAGT TCAACCAGCA GCAGAGGACT GGGGAACCCG ATGAAGAGGA GGGAACTTTC 360
10 CGCAGCTCCA TCCGCCGTCT GTCCACCCGC AGGCGGTAGA AACACCTGGA GCGATGGAAT 420
CCGGCCAGGA CTCCCCTGGC ACCTGACATC TCCCACGCTC CACCTGCGCG CCCACGGGCC 480
CCTCCGCCGC CCCTTCCCCA GCCCTGCCCC CGCAGACTCC CCCTGCCGCC AAGACTTCCA 540
ATAAACGTG CGTTCCTCTC GACAAAAAAA AAA 573

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 486 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40 GCCGCACGGC TTGCTGGGGC TGGGCTCTTC CTCGCGGAAG TGGGGAGGAG GCGGTTGCGG 60
TTAGTGGACC GGGACCGGTA GGGGTGCTGT TGCCATCATG GCTGACCCCG ACCCCCGGTA 120
CCCTCGCTCC TCGATCGAGG ACGACTTCAA CTATGGCAGC AGCGTGGCCT CCGCCACCGT 180
GCACATCCGA ATGGCCTTTC TGAGAAAAGT CTACAGCATT CTTTCTCTGC AGGTTCTCTT 240
AACTACAGTG ACTTCAACAG TTTTATTATA CTTTGAGTCT GTACGGACAT TTGTACATGA 300
45 GAGTCCTGCC TTAATTTTGC TGTTTGCCCT CGGATCTCTG GGTTTGATTT TTGCGTTGAC 360
TTTAAACAGA CATAAGTATC CCCTTAACCT GTACCTACTT TTTGGATTTA CGCTGTTGGA 420
AGCTCTGACT GTGGCAGTTG TTGTTACTTC TATGATGTAT ATATTATCTG CAAGCTTTCA 480
TACTGA 486

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:662 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

CTTTTTTCCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
CTTGTTTCTC	CTCTTGTTTT	CCTTTTGGGC	AGTTTGATCA	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
CTTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTTGTTT	TTTTAAATTT	TTTTAAACCA	AGAATGATTT	240
CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
GCTTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
AAAGGGGAAA	AGGAACCTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
ATAAAAAACA	ATAGCACAGC	CCTTGTTGAG	GTCAGCAGGG	AGGAGGGGCT	GCCCGGAGTT	480
GGGTCCTTGC	CTGGATTTTG	ACACAGCAAC	TTCCTGTAGT	GAGCACTTTG	TATGAATCGT	540
GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATTT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAAA	600
ATCCAACCTT	CTAATAAACA	TGATGGCGCA	GTCCCCAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
GG						662

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:750 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
10 ATAGATTTTG AGGGGAAGGA GAGAGGGAAG GGTCAGGGTA GAGACACCCC TCCCTTGCCC 60
   CTTTCCTGGG CCCAGAAGTT GGGGGGAGGG AGGGAAAGGA TTTTACATT TTTTAAACTG 120
   CTATTTTCTG AATGGAACAA GCTGGGCCAA GGGGCCCAGG CCCTGTCCTC TGTCCCTCAC 180
   ACCCCTTTGC TCCGTTCAAT CATTCAAAAA AACATTTCTT GAGCACCTTC TGTGCCCAGC 240
   ATATGCTAGG CCCACCAGCT AAGTGTGTGT GGGGGGTCTC TACGCCAGCT CATCAGTGCC 300
15 TCCTTGCCCA TCCTTCACCG GTGCCTTTGG GGGATCTGTA GGAGGTGGGA CCTTCTGTGG 360
   GGTTCGGGGA TCTCCAGGAA GCCCGACCAA GCTGTCCCCT TCCCCTGTGC CAACCCATCT 420
   CCTACAGCCC CCTGCCTGAT CCCCTGCTGG CTGGGGGCAG CTCCCAGGAT ATCCTGCCTT 480
   CCAACTGTTT CTGAAGCCCC TCCTCCTAAC ATGGCGATTG CGGAGGTCAA GGCCTTGGGC 540
   TCTCCCCAGG GTCTAACGGT TAAGGGGACC CACATACCAG TGCCAAGGGG GATGTCAAGT 600
20 GGTGATGTCG TTGTGCTCCC CTCCCCAGA GCGGGTGGGC GGGGGGTGAA TATGGTTGGC 660
   CTGCATCAGG TGGCCTTCCC ATTTAAGTGC CTTCTCTGTG ACTGAGAGCC CTAGTGTGAT 720
   GAGAATAAAA GAGAAAGCCA GACCCCTAAA 750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
50 GGGGGAGAGA GGGAGGCCTT TGGGCGGTGG GGGCCACGGG GAGGGTGGTC CTCGGACTAC 60
   GTGCGGGACA GGAGGTCAGG GCTGGCAAGT CCCTCAGGCC TCCCTCGTTG CCCCAGCCTC 120
   GCGGGCCGCC TAACTGCCCC GTTCCAAGGG TGCCACCGGA CCCCCTGGA GAGGAACTTC 180
   TCCGTTGGCT GATTTCATCA CCACCCATTC CCGATTCCAC GTTTCCTTTA AGCGGGGCTG 240
```

5 GCGGAGCGCA AGGGGGCAAG GAACTGGATT GCGATTGGTC AGCACGTGCC TCGGTCGGCG 300
 GTACAATTGG CTGAGGCGCT GGGCCTTGGG AAGCATTCCC CGACGGGATT GGTCTGCTGCT 360
 CTCGCAGAGC CCGCCTCCCG CAGTACAAGC GGCCCCCGGG TGGGGGGGGA GGAGGGGACT 420
 CCGGGAGGAG GAACATGGCG GTGGCGGACC TCGCTCTCAT TCCTGATGTG GACATCGACT 480
 CCGACGGCGT CTTCAAGTAT GTGCTGATCC GAGTCCACTC GGCTCCCCGC TCCGGGGGCTC 540
 CGGCTGCAGA GAGCAAGGAG ATCGTGCGCG GCTACAAGTG GGCTGAGTAC CATGCGGACA 600
 TCTACGACAA AGTGTCGGGC GACATGCAGA AGCAAGGCTG CGACTGTGAG TGTCTGGGCG 660
 GCGGGCGCAT CTCCCACCAG AGTCAGGACA AGAAGATTCA CGTGTACGGC TATTCCATGG 720
 CCTATGGTCC TGCCCAGCAC GCCATTTCAA CTGAGAAAAT CAAAGCCAAG TACCCCGACT 780
 10 ACGAGGTCAC CTGGGCTAAC GACGGCTACT GAGCACTCCC AGCCCCGGGC CTGCTGCCTC 840
 CAGCAGCCAC TTCAGAGCCC CCGCCTTTGC CTGCACTCCT CTTGCAGGGC TGGCCCTGCC 900
 TGCTCCTGCG GCAGCCTCTG GTGACGTGCT GTCCACCAGG CCTTGGAGAC AGGCTAGCCT 960
 GGCCACAGAA TTAAACGTGT TGCCACACCT GCCGGCTTCT G 1001

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 580 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40 CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60
 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180
 GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAACTGC TTTCTCCTTT 240
 GGTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTCCTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300
 45 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360
 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA 580

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:740 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

	GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAACG	60
	GAAACCTTTT	TAGGGAGTCC	AAGGTACAGT	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
25	GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTGAG	AACAACTGTG	AGATCGGCTG	CTTTGCCAAG	180
	CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
	GAGGGCGAGC	TCTCCGATAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATCGCCGG	CTGCCGCATC	300
	ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
	CAGGAGCTGC	AACACATTCG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
30	GAGCGGCTCT	CAGCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
	CCAGACTTGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAATT	CTGGCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
	AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	600
	GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTTCAAGTC	660
35	CCTTGTTGCG	GGGATGTGAA	CGAAGCATTA	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
	TTCGTGCCTG	AAACCACCAG					740

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:975 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

10
ATGGGGCTACA ACCTGAGCCC CCAGTTCACC CAGCTTCTGG TCTCCCGCTA CTGCCCCACGC 60
TCTGCCAATC CTGCCATGCA GCTTGACCGC TTCATCCAGG TGTGCACCCA GCTGCAGGTG 120
CTGACAGAGG CCTTCCGGGA GAAGGACACA GCTGTACAAG GCAACATCCG GCTCAGCTTC 180
GAGGACTTCG TCACCATGAC AGCTTCTCGG ATGCTATGAC CCAACCATCT GTGGAGAGTG 240
15 GAGTGCACCA GGGACCTTTC CTGGCTTCTT AGAGTGAGAG AAGTATGTGG ACATCTCTTC 300
TTTTCTGTG CCTCTAGAAG AACATTCTCC CTTGCTTGAT GCAACACTGT TCCAAAAGAG 360
GGTGGAGAGT CCTGCATCAT AGCCACCAAA TAGTGAGGAC CGGGGCTGAG GCCACACAGA 420
TAGGGGCCTG ATGGAGGAGA GGATAGAAGT TGAATGTCCT GATGGCCATG AGCAGTTGAG 480
TGGCACAGCC TGGCACCAGG AGCAGGTCCT TGTAATGGAG TTAGTGTCCA GTCAGCTGAG 540
20 CTCCACCCTG ATGCCAGTGG TGAGTGTTCA TCGGCCTGTT ACCGTTAGTA CCTGTGTTCC 600
CTCACCAGGC CATCCTGTCA AACGAGCCCA TTTTCTCCAA AGTGGAATCT GACCAAGCAT 660
GAGAGAGATC TGTCTATGGG ACCAGTGGCT TGGATTCTGC CACACCCATA AATCCTTGTG 720
TGTTAACTTC TAGTGCCTG GGGCTGGCCC TGCTCAGACA AATCTGCTCC CTGGGCATCT 780
TTGGCCAGGC TTCTGCCCTC TGCAGCTGGG ACCCCTCACT TGCCTGCCAT GCTCTGCTCG 840
25 GCTTCAGTCT CCAGGAGACA GTGGTCACCT CTCCCTGCCA ATAATTTTTT TAATTTGCAT 900
TTTTTTTCAT TTGGGGCCAA AAGTCCAGTG AAATTGTAAG CTTCAATAAA AGGATGAAAC 960
TCTGGAAAAA AAAAA 975

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

	GAACACACAC	ACAGGTGTTC	TGACCAGCTC	AGGCTTGCCA	CAGTGAGCAA	CTCTGTGGCT	60
	AGCAAAAGAG	AAGTTTATTT	GTGCCCAGCC	ATTGGTCACC	TTGGGTGATG	CACCAGATAG	120
	CAGGCAGATG	TTGGTTCATT	GGCCTTCGTC	CTCTTTCCTC	CTAAAATAAT	ATTGGCTTTA	180
5	CCATCTTAAC	TCAGCTGTGG	GTTTTTTGTG	GGTTCCTGTT	TGTTTTTTGG	CATGAATTGT	240
	CATCTTTGGT	GTTTTTTTAA	CCCCCAGCCC	CTCAAAAAAA	TAAGGCCTCC	AGGTATCAAG	300
	ATCTCATATT	AGGATTTTCT	GTCCTTAATT	TTTTGAGCAA	AATCTGGAAA	ATGTGAAAGC	360
	ATATTTAGAT	TTTATATACT	ATCTGAAATG	TGATTTGTTA	AGATTCTTAA	ATTTGGGCCT	420
	CTTAGAATAA	TTTTGAATGA	GATCTACCGA	CTCACTTGTG	AGAATATTTT	TCACAGATTA	480
10	TCTTTGGGCC	TTTTCATTAG	AAAGCTGTTT	GTTTGTCCCC	CTGTTGGTAC	ATTTGGTTAC	540
	CTCATTTTGC	CGTTTCAGAT	TGTGAAAGCT	CACAGGGGTG	TTTTTTGGAA	TCATTTGCTG	600
	AGTCATTTTC	TCAAATCATA	TTCCATTGTA	TCAGTTAACA	TATAGTTTTA	AATGTATGTA	660
	TTATAAATAT	CTGTAACCAA	ATCATTTGAA	GGCTTGATAA	ATTTTAAACA	AAGTTTGTAC	720
	ATTTTTTATG	AAAGTTACTA	GTAATGCTTT	ACTAAGTAGT	GCAATGAATT	TTTATTTTTA	780
15	ATCCCTGTGC	CCAATTTTGG	AGTTGAGAGG	GTTGTTGGTA	ATAAATGTAT	GATGTACACT	840
	TAAAAA	AAAA					854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

	TTTTTTTCAG	AGTGCTAGGG	CTTTATTACA	AATGGAGTTG	ACTGCTAGAG	AGGCCCTTCT	60
	CCAATCTTTC	TTCTGTACCT	TCTTCCCTCC	CAAAGACATC	CCTCTAGGGG	AGGTCAGTAG	120
45	GCCATTAGGT	AGGAGGAAAT	CTGGAGAGTG	AAAAGGGGCC	TTGCTTTTGT	CAAAGTCCTC	180
	TGAAACAACC	ACTGAGTCTG	AAGGCTGGCT	CCAGTTGAGA	ATCTTCTAGT	GGAAGAGGTT	240
	TAGCTCTCAT	CTTCAAGGTC	CTTCATTTCT	ACATCCTGGG	GGGCTTTTGT	CTTCTTTTGC	300
	CTTTTGAGCT	GTGGTTCAC	AGTCCTGGCT	GGCTTTGAAG	GGGCTTCCAC	TTCCATGGCT	360
	GTCTTCTCTT	TCTGGGCAAG	CCGGATCTGC	TGGAGGAGTT	TTCTGCGCTT	CTTCCCTGAC	420
50	AGTGTAATGT	TGGCACGTGC	ACTGGACGCC	CGCTTCTTGA	GGTGGTGCCG	CGTGATCAGC	480
	CCTTGGTCTA	TCACAGCCCC	GACCACCCGG	TGCCTCAGAC	GCCGCTCCCG	ATTCAACACC	540
	CGCCGCGGTT	TGAACAGCTT	CTTCTTCAGC	TCCGTTCCGG	GCCGTTTGAT	CTTCCCCCCC	600
	GGAGCTCCCA	TAGTCGCGAT	TCCACTCCAG	TTCACGGTCC	GTACTTCCGC	TCAGCGCCGG	660
	ATCCGCGGGC	TCCGCCCCGG	CCTTCCGCGG	GCCAATCGCA	ACTCGGGGGC	GGGTCTCTCG	720

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG 780
TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

30 CCCCCTCCGC GCGTGGTGGC TGCTGCTGTG CATGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCCA 60
GCCTGTCACT TTCTTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCCTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG 120
CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA 180
GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CCTTGGGTAT 240
GAATGTGTGA GTTCAACCAG AGGCCTGCTC TCCTCACACA TTGTGTGGTT TGGGGTTAAT 300
GATGGAGGGA GACACCTCCT CATAGACGGC AGGTGCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCCAGC 360
35 ATGGGCGGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGTA AACTATTTGT GGCTGTGCTG CTTGAGTGAC 420
GTCTCTGTCTG TGTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAACTG TGTCTGAGC CCCCTTTTCT 480
GGACACCAAC TGTGCTCTGT GAATGTATCG CTAAGTGAG CTGTTCCCGC CTAGCCAGGG 540
CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGGT CAGCTGAGCC ACAGTCCCAG AACCAAGCTC 600
TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CCGCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT 660
40 GTGAGCCCCG GGCCGTGCAT CCTGCTCAGT GTGGCGTCAG TGTCGGGGCT GAGCCCCTTG 720
AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA 780
ATAAAAGGTT GACAGGGAAA AAAAAA 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:777 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCCC	CCCACCCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGCC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
CCAACCTGGCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
GCCCCTCATT	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
GAGGTGGGAG	GAAGAAGTGG	GAAATTTCCC	TTCCCAGTAC	CCCCAAGAAC	GTCTGAGCCT	300
TCAATGTTGA	ATTTTTTCTT	TATTAAAATT	ACTTTTATCT	TATAAAATCA	ACTAATCAAA	360
AATGATATAG	ACGACAGCAC	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	AAAGATATGG	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGCGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
GCTTGACAA	TGAAACCTG	ACCTTGCTGC	ATTCTTTTG	CTTCCACCAC	CACTAGCTTC	600
TTTGGAATCT	TGGGGTGGGG	GTCATCTTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTTGAGT	660
GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAA	TGTCAGTTTC	AAAAAAA	777

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5
CCGGATTCCG CCCC GCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120
CCGTTGCAAA CATT TTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240
10 GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300
TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360
CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420
ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG 480
ATTACAATGA CGTCCTGACT G 501

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1104 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40
ATTTTGACCC TAAACTTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGGAATCCA 60
TGAAACCTTT AACCTTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GGTTCCCAGC GCAAAGAAGG 120
CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCCTT TACAATACAG 180
CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTTT CAGAAGATTG TGATTCAGCC TCTACTAAAG 240
45 TTGTCATCCG TGGAGCAGGA AACCAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAGG 300
AAAGAATTCG TAAGCTTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAATCCT GGAGTTTTTG 360
TTGCAAACCT GACGGAATGG AAACGACAGA ATATAACTAA CCAACTGGAA AAATGGATGA 420
AACTCAATGT AGAAGAGGGA CTGTATAGCA GAACCCTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC 480
CTCTGCTTAT CGTATTTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC 540
50 ACCTTGGTTC CAGTGCTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGTAAGGCT GCCAAGTTAC 600
TCCATTGGAA TGGACATTTG AAGCCATGGG GAAGGACTGC TTCATATACT GATGTTTGGG 660
AAAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTC AACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA 720
TCTCAAACAT AAAGTGAAAC AGAATTTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCCTG 780

GAAGATAGCA TGGCTGGGAA GTAACAGTTG CTAGGCTTCA ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840
 ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAGA TGACAAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900
 CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960
 ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT 1020
 5 AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAACT 1080
 TACATTTTTC AAAAAAAAAA AAAA 1104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 810 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTTT ATCATCCACA GCAATCCCAT CTGGTTGGGA GCACTGCTCT GGGTCTCACA 60
 CTGCCCTCC TCTATCTAG GGAGCCTGAG GCCCAGGGGT GGAAAGATCC AGTTGCGGGT 120
 35 GGGGGGTAGT GAACCGTGCA GGATAATGAA AGCAACTTGC TTTGGAAATG ACCTACCGCT 180
 ACCCGTTGTC TGAGACTGAG ATTATCTCAG ACTGTCTTCT GGCTTCTGCC AAAACACTCC 240
 CTTAACAGAA AGCACCGAGG GGATGGGGGT AGGGGGGTTG GGGAGAGTGA GGCTTGAGTG 300
 TGAAGGAAGT CTCATATATG CAGAGCTGAA ATCTCCCTCT TTGTATGTCC AACTTTTGT 360
 CTTGTTCTCT AGACTGATTC TTGCTATTCC AAATCCTCTT CCACGTTGAC AGCCCTTCAG 420
 40 ATATTTCAAC ACTCCTCTCA GCATCCTCCA CTTCCCCCAT CTCTCCAAGC TGAACCTGGT 480
 TCACAGGGTG GGATTGTGTA TGTGCATGCA GGAGGTGGGG GTGGACAGTG CCCTGGGCTG 540
 GAATCCCCCT TAGTTCTAAG TGCCCTCCTT CCCGCAGCTT CGAGAGCTGT GCCCAGGAGT 600
 GAACAACCAG CCCTACCTCT GTGAGAGTGG TCACTGCTGC GGGGAGACTG GCTGCTGCAC 660
 CTACTACTAT GAGCTCTGGT GGTCTGGCT GCTCTGGACT GTCCTCATCC TCTTTAGCTG 720
 45 CTGTTGCGCC TTCCGCCACC GACGAGCTAA ACTCAGGCTG CAACAACAGC AGCGGCACGT 780
 GGAAATCAAC TTGTTGGCCT ATCATGGGGC 810

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAAATCAT	GGCAACTACA	CAGGATGTTG	CTTACCAGGA	CGGAGTTTGT	GTATCTTAGT	60
ACTGAAGTTA	GCACTATGTT	TACATGCAAA	AGATTAAGGA	AAAAACCCTT	AAAGTGGACA	120
GGTATCCAAA	GTTCAATTTT	TGTGACTCAT	CAAAGTGACA	AAAGACTTGT	AACAACCTTG	180
CCTGGACTTT	TTTCATTTTA	CAACAGTTCA	TCCATTCACA	ATGATTTTGT	TCTCTGCTCC	240
ATATTTTTTA	ATCCCTTAAG	CATTTGATGA	AACACTCTTT	AGTGCTATAT	GCATTTTCTT	300
ACTTTTGTTA	AAAATGTGAC	AATTGTCAAA	AAATGCACTA	AAATGTAAAT	GGAGATTGAA	360
CAAGTTCACT	TTCCAGCTTA	TAGGCAACTT	TATACAGACT	TGAACATTTT	CTCCAGTTGT	420
TTAGTAAAAG	TGAAAGAGAA	AGGGTTTTTC	CTGCCACAGG	ATATAACTTT	TTTTTATATA	480
ACAAGCATAA	CACACCACTG	CTTTTGGTGG	AAAAGTGCAG	AATAGTATGT	ACCTTTTATG	540
AAGAAAAATG	TAATTTACAA	TATTCAGTGA	GAATGTTACT	GCTGATTTTC	TTTTCCAAGG	600
TGTAGAATAT	TCTTTGATTT	ATAGAATTCA	TTTTTGACCC	AGATGATGGT	TCCTTTACAG	660
AACAATAAAA	TGGCTGAACA	TTTTCACAAA	TAGAGTGTA	CGAAGTCTGG	ATTTCTGATA	720
CCTTGTCATT	TGGGGGATTT	TATTTTACTT	TGTTGCTTTA	AAATTCAATG	CAGAGAAGTT	780
GTTGACTGTA	GGGGAAATAA	AGTTAATTCA	AATTTTGAAA	AAAAAA		826

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 578 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```
10 GTTCTTAACT GTTCCATTTT CCGTATCTGC TTCGGGCTTC CACCTCATTT TTTTCGCTTT 60
   GCCCATTTCTG TTTCAGCCAG TCGCCAAGAA TCATGAAAGT CGCCAGTGGC AGCACCGCCA 120
   CCGCCGCCGC GGGCCCCAGC TGC GCGCTGA AGGCCGGCAA GACAGCGAGC GGTGCGGGCG 180
   AGGTGGTGCG CTGTCTGTCT GAGCAGAGCG TGGCCATCTC GCGCTGCGCC GGGGGCGCCG 240
   GGGCGCGCCT GCCTGCCCTG CTGGACGAGC AGCAGGTAAA CGTGCTGCTC TACGACATGA 300
15 ACGGCTGTTA CTCACGCCTC AAGGAGCTGG TGCCCAACCCT GCCCCAGAAC CGCAAGGTGA 360
   GCAAGGTGGA GATTCTCCAG CACGTCATCG ACTACATCAG GGACCTTCAG TTGGAGCTGA 420
   ACTCGGAATC CGAAGTTGGA ACCCCCGGGG GCCGAGGGCT GCCGGTCCGG GCTCCGCTCA 480
   GCACCTCAA CGGCGAGATC AGCGCCCTGA CGGCCGAGGC GGCATGCGTT CCTGCGGACG 540
   ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC 578
20
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 799 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```
45 AGCTTTTGTGTT CACACTTTTAA ATAGCAGTCC CAGAATGATT TCACTACAGA CTCTCTGGAA 60
   AGCCTGGGAG CTGAATTCCG GAAGATCCCC ACATCGATGA AAGCAAAGCG AAGCACCAAG 120
   CCATCATCAT GTCCACGTCG CTACGAGTCA GCCCATCCAT CCATGGCTAC CACTTCGACA 180
   CAGCCTCTCG TAAGAAAGCC GTGGGCAACA TCTTTGAAAA CACAGACCAA GAATCACTAG 240
50 AAAGGCTCTT CAGAACTCT GGAGACAAGA AAGCAGAGGA GAGAGCCAAG ATCATTTTGT 300
   CCATAGATCA AGATGTGGAG GAGAAAACGC GTGCCCTGAT GGCCTTGAAG AAGAGGACAA 360
   AAGACAAGCT TTTCCAGTTT CTGAACTGCG GGAAATATTC CATCAAAGTT CACTGAAGAG 420
```

AAGAGGATGG ATAAGGACGT TATCCAAGAA TGGACATTCA AAGACCAAGT GAGTTTGTGA 480
 GATTCTAACA GATGCAGCAT TTTGCTGCTA CCTTACAAGC TTCTCTTCTG TCAGGACTCC 540
 AGAGGCTGGA AAGGGACCGG GACTGGAAAG GGACCAGGAC TGAACAGACT GGTACAAAG 600
 ACTCCAAACA ATTTTCATGCC CTGTGCTGTT ACAGAGGAGA ACAAATGCT TTCAGCAAGG 660
 5 ATTTGAAAAC TCTTCCGTCC CTGCAGGAAA GGATTGACGC TGATAGAAGA GCCTGGACAG 720
 ATGTAATGAG AACTAAAGAA AACGATGGCT GGAGATGACA TTTATCCAGG GTCACCTTGT 780
 CAGGCCCTAG GACTTAAAT 799

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

AATTTATTTT TTTTTCATGG TCTGTCAGGT TTTATTTATA GAGTCTGGTG AACTTGAAGT 60
 35 AGAGAAAGCT GCAAAAAGTG GTTTGGAGAG CATGGCAGGG CCATGGAGAA GGGCTAATAG 120
 AAGCAGGTCC CTTGCCCAGA CCCTCAGGGA GCCCTTTTGG TGGATAGCGG ACACCTGAGG 180
 CAGGAGGTGG CAGGGGCCAA GTCCAGGCAG GCAGCAGCAG GGCTGCAACT GAGAGCTGAG 240
 GCTGGAGAGG TAGCGCTCGC CCTAACCTGA TCCTGCAGGT CTCAGGCCCT GGGGTCATAT 300
 ACTCGCCCCA TGAAGACAGG GAACTTGTGC TGCTGGTCCC AGAGCACGAA GAGGAAGGGC 360
 40 TGCTGCACTT CAAAGACCAG CAGGGTGCGG GCCACAGAGA TGGCGGAGGC TGCAGCCGCC 420
 TCCACCCCAG TCTCTGTCAG TTCCAGCACT GTCTGGTGCT GCATCGCAGA AACCTGAAGA 480
 TCTGGGTCCCT CTGTCAGCCC ACACAGGTTA AGGTCATAAG AAAAATCGAA GAATTCCAAT 540
 TTCTCCATGA TTGAGAGCAT ATCCTGGCTG GTCGTCACCT TGATGCGGGG TAGTGTTAGG 600
 AGAGTGGGCT GGAACCTGGA CATCTCCAGT TTCTCCATGA TGGCCTTGAA AACAGAAGGG 660
 45 CTGAGAGCCT GTTCCATGTC TTCAAGACGA TGTTTCAGGT TCTGGGGTAC CAGGATCACC 720
 AAACCTCAGAT TGTGGGAGAG CTGCAGCTGC CCCACCTTGG CTTTCAAAGT TTGGTCAATG 780
 AAATGGGCCA CAGGGTACTT CTTGCTATTC ATCATGGGCA CTTTTATAAC TGAGTTTTTG 840
 AAGTGAAAGG GTTCCATTCT GGTTTTCTTG GGATCAAATG TTGTCTTCCA CTTGGCACTC 900
 AGGTAGATAG CATTGAGGAG GACAAGGCGG GTATCGGAGG GCAGACTGTC TAGCAGCCGG 960
 50 CTGATCTTGT TGTTGGTGTT CTTGGCCACC CAGGTGTTGA TGAGCTCCAA AGTTGAATAG 1020
 CAAGAAGTAC CCTGTGGCCC ATTTTCATTGA CCAAACTTTG AAAGCCAAGG TGGGGCAGCT 1080
 GCAGCTCTCC CACAATCTGA GTTTGGTGAT CCTGGTACCC CAGAACCTGA AACATCGTCT 1140
 TGAAGACATG GAACAGGCTC TCAGCCCTTC TGTTTTCAAG GCCATCATGG AGAAACTGGA 1200

5 GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCGC ATCAAAGTGA CGACCAGCCA1260
GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTTCTTATG ACCTTAACCT1320
GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTTCA GGTTCCTGCG ATGCAGCACC AGACAGTGCT1380
GGAAGTACA GAGACTGGGG TGGAGGCGGC TGCAGCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440
CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTG CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500
GTTCCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCCAGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560
TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620
TGGAATTGGC CCCTGCCACC TCCTGCCTCA GGTGTCCGCT ATCCACCAA AGGGCTCCCT1680
GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740
10 GGC 1743

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60
CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120
CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180
40 GGGGAGCTGG ACCCATGGT GCGGCTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240
TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCTAT GCACAGCTCC 300
TGTCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360
CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420
ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCCTGACC TGTCTTTTTC 480
45 CCACAGGCCT CTGGGGGAGC GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCCTTCCT GGCCTTAGCC 540
ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600
CCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660
CCCACTACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCTCCTG TGACCTCAGG 720
GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCTT GCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780
50 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840
TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900
AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960
CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTTCAG TCTCCCCCA1020

GCTGTCTCAC CCCCACTTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080
 GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGTC CTGGATTCCG1140
 ATAAATTAAG AGAAATTGCT TCCTCAAAAA AAAAAAAAAA AAA 1183

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 768 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 10 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

30 GTTTTTTTTT TTAAGTGCAG AAATTGGTGG TATTTTCACA TTCATAGTGT TTCTATCCAA 60
 TTTCAGTACC CACATTTAAT GAGGAAAAAA TGTTTTACCA ATGAAGGAGG AATTCTTAAA 120
 TTAGCTGTAA TGTTAGGTTG GAGAAAATTT GGTATTTAGG GTATTTTCAA GGTACCATCA 180
 AATCAGATTT CTGTTTTTTT GTAAAAAAA ATTTTTTTAA TCAGTATTGT TTTTACAAGT 240
 AATATACTTT GAAACTCTTG AACTAATAGT CTCAAAAACT CTAGAGGACA GTCTGAGAAC 300
 35 ACGTATTTCT ATTGTTCTAA ATAAATACAT GTTTTTGAAT AGTTCAATCA TGAATTATTG 360
 ACTATGTCTT CATCAAAAGT GTTAATCCCT CTCAGGGTCT CTGGTGAAGA CCTTCAAGAG 420
 TTTGGTTTTT TCTCCAGGA AATTGGAAGG TAGAATTGTA AATTCATAGA ACTTCTTTTA 480
 TAATGGTGTA CCTCAGCAGC TGCCTTTCAA TTTATGCCAA GTCCTTACAG AGTTTATACT 540
 TGAATAGTAA ATATGTCTTC TGAGTTTAC AGTGTCTTAA ACTCAATGCA CATTTTTTTT 600
 40 TCTTCTTTT CCACCCCTTC TTGTTGTAG TTCATTATAC CTGTCCTATT ACAGAACTGA 660
 TTTCTTCTT GGCTGTACAT GTTGGGGTGC TGGATTTTTT TCCGTGTCTT TAGTCTTCGG 720
 ATACATGTTT TCTTCTTTAG CTTGTGGTGA ATACAGTAAT TTGCATTG 768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
CCCTGCTGTG AAGTCCTGGC AGGTGTTGGT AATGTGTGGA AATGCAGTCA GCAAGTTTGC 60
TGGGGAGTTT GATAAAAGTA TAAAACAAAA CAAAAAAGC CTCGGTATAA TTTTGTTCCT 120
CGACTTCTTC TGTAGCTTTA CACCAGAAGG AAGGAATGGG CTACAGCAGG TAGTGGAGGA 180
AGAGGGGGGT GAGCAGGTGT ATTTAAATAG CTTACGGGTA AGGCCTAAAA GGTCACCCCT 240
CGGCCCCCTC TCCAAAAGAA GGGCATGGGC ACCCCCAGGA GAGGATGGCC CCAAAAACCT 300
TATTTTATA CATGAGAGTA AATAAACATA TTTTTTTTAC AAAAATAACT TCTGAATTTA 360
TCAGTGTTTT GCCGTAAAA ATATTCCTCT ATAGTAAATT ATTTATTGGA AGATGACTTT 420
TTTAAAGCTG CCGTTTGCCT TGGCTTGGTT TCATACACTG ATTTATTTTT CTATGCCAGG 480
CAGTAGAGTC TCTCTGCCCT TGAGGAGCAG GCTACCCGCA TCCCACTCAG CCCCTCCCTA 540
CCCCTCAAGA TTTGATGAAA ATTCCAACCA TGAGGATGGG TGCATCGGGG AAGGGTGAGA 600
AGGAGAGCCT GCCTGCTCAG GGATCCAGGC TCGTAGAGTC ACTCCCTGCC CGTCTCCCAG 660
AGATGCTTCA CCAGCACCTG CCTCTGAGAC CTCGCTCTCT GTTCCAGCAA CCCTGGTTGG 720
GGGGTCAGAC TTGATACACT TTCAGTTGG GAGTGGACCC ACCCCAGGGC CTGCTGAGGA 780
CAGAGCAGCC AGGCCGTCCT GGCTCACTTT GCAGTTGGCA CTGGGTTGGG GAGGAAGAGA 840
GCTGATGAGT GTGGCTTCCC TGAGCTGGGG TTTCCCTGCT TGTCCAGTTG TGAGCTGTCC 900
TCGGTGTTAC CGAGGCTGTG CCTAGAGAGT GGAGATTTTT GATGAAAGGT GTGCTCGCTC 960
TCTGCGTTCT ATCTTCTCTC TCCTCCTTGT TCCTGCAAAC CACAAGATAA AGGTAGTGGT 1020
GTGTCTCGA 1029
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 736 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
10 ATTCCTGGGT TGAAATATTT TGTAGGGATT GCTTATTATA TTATTTTAGC TGATGAACCT 60
   CAGGACAACG GCTACAGACA CACACATACA TACACGCACA CAAAATCTCA GCTGTTGAAG 120
   AGTGGGCTTG GAATCAGACT TCTGTGTCCA GTAAAAAACT CCTGCACTGA AGTCATTGTG 180
   ACTTGAGTAG TTACAGACTG ATTCCAGTGA ACTTGATCTA ATTTCTTTTG ATCTAATGAA 240
   TGTGTCTGCT TACCTTGTTT CCTTTTAATT GATAAGCTCC AAGTAGTTGC TAATTTTTTG 300
15 ACAACTTTAA ATGAGTTTCA TTCACTTCTT TTAAGTATG TTTTAAGTAT AGTACCAATA 360
   ATTTTCATTAA CCTGTTCTCA AGTGGTTTAG CTACCATTCT GCCATTTTGA ATTTTATTTT 420
   AATTTTATTT GCTTGAGCAC ACTGATCAAC CACTGAACTG CCTTCTTCCA TTGTCCTGCA 480
   ATGATATAAG GGTTACATTT TTGTGTATAT GGCTTTCATA GTTGGGATTT CAGAGCACTG 540
   ATACCAGATA TTTTCAGTTT GTTCTCTGGG GGAATTTTCAT TTGCATCTAT GTTTTTAGCT 600
20 ATCTGTGATA ACTTGTTAAA TATTAATAAG ATATTTTGCT TCTATTGGAA CATTTGTATA 660
   CTCGCAACTA TATTTCTGTA AACAGCTGCA GTCAAAAATA AAACACTGAA AGTTTTCATT 720
   TTGCAGTGGG AAAAAA 736
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```
50 GGACCGTGTG TCGGCCGTGG CGCTGCCCAA GCTGCCCATC TCGCTCACCA ACACCGACCT 60
   CAAGGTGGCC AGCGACACAC AGTTCTACCC TGGCCTCGGG CTGGCCCTGG CCTTCCACGA 120
   CGGCAGCGTC CACATCGTGC ACCGGCTCTC ACTGCAGACC ATGGCCGTCT TCTACAGCTC 180
   CGCGGCCCCG AGGCCTGTGG ATGAGCCGGC CATGAAGCGC CCCCACCGC CGGGCCCCGC 240
```

```

CGTCCACTTA AAGGCTATGC AGCTATCGTG GACGTCCTG GCCCTGGTGG GGATTGACAG 300
CCACGGGAAG CTGAGCGTGC TCCGCTCTC ACCTTCCATG GGCCACCCGC TGGAGGTGGG 360
GCTGGCGCTG CGGCACCTGC TCTTCTTGCT GGAGTACTGC ATGGTGACCG GCTACGACTG 420
GTGGGACATC CTGCTGCACG TGCAGCCCAG TATGGTACAG AGCCTGGTGG AGAAGCTGCA 480
5 CGAGGAGTAC ACGCGCCAGA CCGCTGCCCT GCAGCAGGTC CTCTCCACCC GGATCCTGGC 540
CATGAAGGCC TCGCTCTGCA AGCTGTGCGC CTGCACGGTG ACCCGCGTGT GCGACTACCA 600
CACCAAGCTC TTCTCATCG CCATCAGCTC CACCCTGAAG TCGCTGCTGC GCCCCCACTT 660
TCTCAACACG CCTGACAAGA GCCCCGGCGA CCGGCTGACC GAGATCTGCA CCAAGATCAC 720
CGACGTCGAC ATTGACAAGG TCATGATCAA CCTCAAGACG GAGGAATTTG TGCTGGACAT 780
10 GAACACACTG CAGGGCGCTG CAGCAGCTCT TGCAGTGGGT GGGCGACTTC GTGCTGTACC 840
TGCTGGCCAG CCTACCCAAC CAGGGTTCCC TGCTGAGGCC GGGCCACAGC TTTCTGCGGG 900
ACGGCACCTC GCTGGGCATG CTTGGGGAAT TGATGGTGGT CATCCGCATC TGGGGCCTTC 960
TGAAGCCAG CTGCCTGCCC GTGTATACGG CCACCTCGGA TACCCAGGAC AGCATGTCCC1020
TGCTCTTCCG CCTGCTCACC AAGCTCTGGA TCTGCTGTCG CGATGAGGGC CCAGCGAGCG1080
15 AGCCGGACGA GGCCTGGTG GATGAATGCT GCCTGCTGCC CAGCCAGCTG CTTATCCCCA1140
GCCTGGACTG GCTGCCAGC 1159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 690 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

AGAGCGGCCG CCCCTCTTTT TTTCTCTTTC TTTTTTTTTT TTTTGCATA TCAGAAATGC 60
ATTTTAATTT TTATTGAAA ACAACTTAAA TTTTGTAGACA AATGATTTTA GTATATAAAT 120
45 TTGCTTTTGT TTTTATACAG AATATAAAGA TTTCCCTCAT TAATCTTCCA TGTGAAGGGT 180
ATTACAAGCC TGGAGGAAGA TACTTTCTGC ACACAAGTAT GTATCTTATG TGTGCAGTAT 240
TGGAACCAA TGGTGTAGTG CTCCTACACA TAAATGGGGT CAAGTGACAT CACAAATTAA 300
AAGGGGGAAA GAGAAATATT CTAGTTAATC AGATGCAAGA AGCAAACAAG ACGCAAAAAC 360
TGTGCAATA AGACCAAGCC AGTAACTTTA GTTACGACAC TGCAGATTAC ACTGGAATAA 420
50 CAGGTTTGTG AGGCTATAGT GTGCACCACA TTTAAACAGC AAGAAAGAGC TATTTATATA 480
GAAAGGCTGG AATGAGGGAT TTTTACTAAA GCAAATTAAC TTCTTGTCAC CTGCCAAAAC 540
AAAACAAAAC TGAGCATATG AGTGTTAGTA TACTGAAGGC ATGTTATACC AGTTTCTGTG 600
CAGCATGCTA AAAGTTAGAA CTTCTTCACT GGTGCTTATC AATCATTAAT AGTCACGTTT 660

```

TTGCCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1186 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
ACCATAGATT TATTTTAAAA GGGAAAATCT CACACATAAT TAAGCAGTGG AAAATGTGCT 60
CAATGCTATG GTGCGTCAGG CCCTCTGTCT ACCAGGTTTC TCCCGCTTTC TGCAGAGCTG 120
30 TGGACCCTGT ACGTACCAAA CAGGTGAACT TGGTCCATCT TTCCTTCTTC CTTTTTTTGC 180
ACATTTGCAT TTATATCTTC CTGTACTAAA AGAAACAAAT TATTTATAAT TGGGGTGACA 240
ATATAAAGGA ACAAAGATG GGGCAATAGT TGCTTCCTAG CTGGAGCTGT AAGTCCATGT 300
TACAGAACT CACTATTTAA AAAGTTTAA AAGATTTATG AACCTTGTC TACAATTCGC 360
TGAATACTTA TTTGTCTTTT AAAGTCCCCT CGGTGTATGG ATCATCTTCG TCAGAATGCC 420
35 GTTGTTCAT TGTGAATCAG GGGAAAATGT TAATCATTTG GAGACTGTTT TCTTATTACC 480
AAATGTACAA TCCATAAGAC AACTGAAAGC AACCACTGCT GGGTTCCTG ACAAAGATTA 540
TAAAAATCAT CACGTTCAAA GTAGAGTTT TAGCCAAGGT CAAGAACTAA CCTGGGGCTG 600
AGTCAGCGTC TCTACCCACT TAAATAACAG CGTAAAGATC TTCACTAAA TTCGTTATGT 660
GGTCTGTCTG GATGTAAACC TATATATTTT CTTTGTAAAC AGAATCATAT CCTGCAGACT 720
40 CTTGGCACTC CTGCATAGCT TTGACCGAAT GTTCACTCTC ATCGTAATGG AAGATTTCTA 780
TCTATGCAGA TAATACATGT TTTTAAATAC TGTTTTCTGT TTAGTCCTCA ATCTTCCTAA 840
CTCAAATTGG GGAATGAGGA GAGAGAAAGG TGGTTACCCC TGTTACCGTG CCATATTCTT 900
CTTGCTGCTT TTCAACCCCA CGTGATTGTT GATTGACGGT TCTGCTATAA TGTGCGTGCC 960
CTTCAAGTTT CAGAAAACCT TCCCAATCAA TTCACCTCAA TCTTAATTGA ACCCAAGAGT 1020
45 CAAAGTTATT ATTTTCTCCG AACGTGTTTG TGATCTTCTG TTATATTTTG GGGCATGTTA 1080
CCTTTATGGT ATATAAGCTG TAGTGCATAC TCTTTGTATT GCAAAAAACT GGTCAGTAAT 1140
TTATGTACAT GTATTCCACA TTTTAGTGTG CTTGAAGTGA CAATCC 1186
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGGACCA CGGGGTGGAG 60
GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTCCTGT TGCCTGTCTC TAAACCCCTC 120
CACATTCCCG CGGTCCTTCA GACTGCCCGG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCCTGCC 180
25 TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240
GGAGGGCCTT GGCAGCCCCT CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGGAAG 300
AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360
GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420
AGAACCACCA CTGCAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT 480
30 GCGTGTGCCA GGACCCACC AGCTGCCAG CCCCATTGG CGAGTTTGAG AAGGTGTGCA 540
GCAATGACAA CAAGACCTTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCTGG 600
AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660
CCCCTTGCC T GACTCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720
ACGTCTGGT CACCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780
35 AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840
GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTTGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900
TGGCAGTTCG GCCAGCTGGA CCAGCACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCCA CACCGAGCTG 960
GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTCGAGACC1020
GTGACCTGG 1029

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:985 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
50 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

15	ATCACTCTTT	CTCAGCTCGA	CTGGAGTTTC	TGCACCTTTG	CAGGGGCAAA	GTAAGTCCCT	60
	GCACCCTGAA	CCACCCCCCA	TTCCTGTTCA	TTTCAGCAGA	TAATGATGGA	GGGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT	GCTGAGGGTG	TGACCGCAAG	AGGGTGAAAA	CTTCCAGCCA	ACTTTCTCAG	180
	TCCTTTCTCT	TGCGAGAGGG	AAGCCACCTG	CTATACAAAC	TAATACCCCC	TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC	GACTCAGTTG	ACAGAAGGAT	ATACTTTGTT	ATAACTTATT	ATTTTGTTCT	300
	CTGTAAATAC	AAGATGTTTA	TAGGAAATAT	GTATTCTGAA	CTCTATCTGC	AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA	AATAGTTCTA	TTATTTAGAA	TGTGTTAATT	TTAAAGGGAC	CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA	TATGCGATCC	ACATTTGTGT	GAAAGCATGT	GATCATACTA	ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC	GCTGTACGAT	GATTGATGTC	TTTTTCTCAG	TCCATAGTTA	CAATTGTTTA	540
	GTATGCTAAT	CAGTCCAGTT	CCCTGAGGTT	TAAGATCAAA	TATAAATTAC	TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA	GGTAGCATTG	TACCTGAACC	TGATTGCTAC	TTTTTCATCT	TAAATATTAT	660
25	ATTTCTCAT	CTAATCTGCC	TTCCCCTCAT	CCACAGACAT	TTGGAGAAGG	AAATGGGAGG	720
	GTGTCTGTTA	TCCCTTTCTC	TTTGCTTTGT	CCCCGTGTGT	AGACTGGCAG	CGTCAGTTGC	780
	TCGGTGGGCT	TGGTTAGAGC	CGTGGGTGAG	GCAGGTGGCT	GGCGGGGACA	GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG	TGGTGGCATT	TACTGCTCTG	ACACTTCCAC	TGTCCCTGCT	GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC	CTGTGGGGCC	TGTGAAGTGC	ACAGCCAGGA	GCAAGGAACC	CACTAAATAC	960
30	TCCGTCACTG	CATGTCCCCT	CTACA				985

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 622 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5
 ATGTTTTTCA TTTTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA 60
 TTTCATAATG TGGATTTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTTA 120
 GTGTTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTTCA 180
 AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG 240
 10 CTCAAATTTG ACCAACTCAG TTAAAGACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAAATGAA 300
 GAGAGTTTCT AGTTTAATGG GTTAAATTTT TGTGTGTTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT 360
 ATAATATTTT TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTGTGAAGA TTACTTTGTT 420
 AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTTAAAT 480
 CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC 540
 15 TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT 600
 TAGTAACAAA AAAAAAAAAA AN 622

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1129 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25
 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

30
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

GATTTTTATC TAGAAACTAT ATTTACTTAA ACCCCCCTCA GGAAAGAGGT TTTAAAATCA 60
 AAGATGGGAA AATCGGAGAA AATTGCCCTT CCCCATGGCC AGCTTGTTCA TGGTATACAC 120
 45 TTGTATGAGC AACCAAAGAT AAACAGACAG AAAAGCAAAT ATAAGTTGCC ACTAACCAAG 180
 ATCACCTCTG CAAAAAGAAA TGAAAACAAC TTTTGGCAGG ATTCTGTTTC ATCTGACAGA 240
 ATTCAGAAGC AGGAAAAAAA GCCTTTTAAA AATACCGAGA ACATTAAAAA TTCGCATTTG 300
 AAGAAATCAG CATTTCTAAC TGAAGTGAGC CAAAAGGAAA ATTATGCTGG GGCAAAGTTT 360
 AGTGATCCAC CTTCTCCTAG TGTTCTTCCA AAGCCTCCTA GTCCTGGAT GGGAAGCACT 420
 50 GTTGAAAATT CCAACCAAAA CAGGGAGCTG ATGGCAGTAC ACTTAAAAAC GCTCCTCAA 480
 GTTCAAACCT AGATTTCAGA TTTCAGTATG TGTGTAAGAC ATAATTTTTC CCATATCCCT 540
 GGACTCTTGA GAAATTTGGT ACAGAAATGG AAATTTGCCT TGTTGCAACA TACAATTGCA 600
 AAAGATGAGT TTAATAAATT ACATACAAAC AGCTTGATTT ATATTTTATA TTTTGTAAT 660

ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTTGT 720
TATGAAAGTA TGTATTTTGC CCTGCCCACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780
AAATTTTAAG TGTGTGCTAA GGCACATGGA AGACCGATTT TATTTGCACA AGGTACTGAG 840
ATTTTTTCA AGAAACAGCT GTCAAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTTAC 900
5 TAATGCACTA CTGAAGTTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTTCT 960
CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTTT TGCTAAACTC 1020
AATTTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTTTA ATGCCAACAA 1080
AATTGTTTGT AATCAAATTT TAAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCTT 1129

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

35 CACACTGAGG GTTTTTAACA CCATTCTCCC CCACTTCTCT CCTGGGTGAC ATAAGAGAGA 60
AATAACCTGT AGTACAGCAG CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAATTTTTT TGGAGGTCTC 120
TAATATATAT TTCCCCCTTG TCTCTGTGAT CTCTTATTTA TACTATATTA TTGTCCCATG 180
TACTTTCTAA ACTGAGCTTG GAACATTTAG TATTCCTGCA ATTGGACTTC CCACTTAACA 240
ATTATACAGA CTTTGCTTTT AGAAATAGAT TAGGTTCCAA ACAGAAAGTT CAAGTGTAAC 300
40 AACAACAATA AAAATAGATT ATGAAACAGG CTATAATTGG CTCTTTTGGA TTTGATAGGG 360
GCAAGATGAA AGGCAACTTT CTGCTTTTG AAATCATGTT GGGTAAGAGG TAAGGAATCC 420
AGCTACAATT TTATTAGTGC TTGAAACGGG CTTCTTGAA TTCTCCAGGC CCTATCATTT 480
TTTTTTTTCT TACTAATCAG AAGAGAGCTG GGGTAGAAGC CCCATGTTTG TATTCCATGA 540
AACACGTCGG GTTGGAGTAA AGGCAAAAAC AGCTAGACAC ACCAGGTGTG TCTGTTTGAC 600
45 ATTTATAAGC TGGCACTCAT CAACACTCCT GTTCTCCTT TCTCTGGGAC GTGTGGATTA 660
AGGGGTGTGA GTTGTGGGAA GAATTGCCCT CGTACCTCCT GGATTTATTA TTTTCTCAA 720
ATACCAACCA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG TTTCTGATC TGTCCACTTC 780
TGGTGTCAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT GTATTTTATA TGTATAATTT 840
TATACAATTA AAAATAGATT TTTGTCTAGT GAAAAA 877

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1329 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

GTCTGGGGAGC GCGGGGCGCG GGCCCGAGGG ACCCCGGGGCC ACGGAGAGCG GGAAGAGGAT 60
GGATTGCCCCG GCCCTCCCCC CCGGATGGAA GAAGGAGGAA GTGATCCGAA AATCTGGGCT 120
25 AAGTGCTGGC AAGAGCGATG TCTACTACTT CAGTCCAAGT GGTAAGAAGT TCAGAAGCAA 180
GCCTCAGTTG GCAAGGTACC TGGGAAATAC TGTGATCTC AGCAGTTTTG ACTTCAGAAC 240
TGGAAAGATG ATGCCTAGTA AATTACAGAA GAACAAACAG AGACTGCGAA ACGATCCTCT 300
CAATCAAAAT AAGGGTAAAC CAGACTTGAA TACAACATTG CCAATTAGAC AAACAGCATC 360
AATTTTCAAA CAACCGGTAA CCAAAGTCAC AAATCATCCT AGTAATAAAG TGAAATCAGA 420
30 CCCACAACGA ATGAATGAAC AGCCACGTCA GCTTTTCTGG GAGAAGAGGC TACAAGGACT 480
TAGTGCATCA GATGTAACAG AACAAATTAT AAAAACCATG GAACTACCCA AAGGTCTTCA 540
AGGAGTTGGT CCAGGTAGCA ATGATGAGAC CCTTTTATCT GCTGTTGCCA GTGCTTTGCA 600
CACAAGCTCT GCGCCAATCA CAGGGCAAGT CTCCGCTGCT GTGGAAAAGA ACCCTGCTGT 660
TTGGCTTAAC ACATCTCAAC CCCTCTGCAA AGCTTTTATT GTCACAGATG AAGACATCAG 720
35 GAAACAGGAA GAGCGAGTAC AGCAAGTACG CAAGAAATTG GAAGAAGCAC TGATGGCAGA 780
CATCTTGTCG CGAGCTGCTG ATACAGAAGA GATGGATATT GAAATGGACA GTGGAGATGA 840
AGCCTAAGAA TATGATCAGG TAACTTTCGA CCGACTTTCC CCAAGAGAAA ATTCCTAGAA 900
ATTGAACAAA AATGTTTCCA CTGGCTTTTG CCTGTAAGAA AAAAAATGTA CCCGAGCACA 960
TAGAGCTTTT TAATAGCACT AACCATGACC TTTTGTAGATG TATTTTGTAT GTATATATCT1020
40 ATTATTCAAA AAATCATGTT TATTTTGAGT CCTAGGACTT AAAATTAGTC TTTTGTAAATA1080
TCAAGCAGGA CCCTAAGATG AAGCTGAGCT TTTGATGCCA GGTGCAATCT ACTGGAAATG1140
TAGCACTTAC GTAAAACATT TGTTTCCCCC ACAGTTTTTA TAAGAACAGA TCAGGAATTC1200
TAAATAAATT TCCAGTTAA AGATTATTGT GACTTCACTG TATATAAACA TATTTTTATA1260
CTTTATTGAA AGGGGACACC TGTACATTCT TCCATCATCA CTGTAAAGAC AAATAAATGA1320
45 TTATATTCA 1329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE:697 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

20	GTAGGCGCTA GTCTGGGCGC AGAGGTTTCT GGGAGCCAAG AGTGGTAATG GCGTCTGTAT	60
	GATCTTCGGA GCCTGCTGCA TCGGACCTCG GCCAGTCATA AAAGATGACA ACAGCAGCCA	120
	GGCCAACCTT TGAACCTGCC AGAGGTGGAA GGGGAAAAGG AGAAGGTGAT TTGAGCCAAC	180
	TTTCAAAGCA GTATTCAAGC AGAGACCTAC CCTCTCATAC AAAGATAAAA TACAGACAGA	240
	CTACTCAGGA TGCCCCTGAA GAGGTTTCGTA ACCGTGACTT CAGGAGAGAG TTGGAAGAAA	300
	GAGAGAGAGC TGCTGCAAGA GAGAAAAATA GGGATCGTCC AACCCGAGAA CATAAACCT	360
25	CCTCTTCAGT GTCAAAAAAG CCACGGTTAG ACCAGATTCC TGCCGCCAAC CTTGATGCAG	420
	ATGACCCTCT AACAGATGAG GAAGATGAAG ATTTTGAAGA AGAAAGTGAT GATGATGATA	480
	CTGCAGCTCT TCTTGCAAGAA CTGGAAAAAA TTAAAAAAGA AAGAGCTGAA AAGGGCCAAG	540
	GCCCAGGGAA GGGACCAAGG GCCAAAAAAG CTTTAAGGGG GGGGAAGGGT TCGTTTTGGG	600
	AAAACATTGG TTGGGCGGGA AACCTTTTCC CTTTAATCTT GAGCTTGGCC CATTCCAAGC	660
30	TTAAGGCCGA CTTTGAAAAG TTTGAAAGGA GGGTGGG	697

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

5
CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA 60
AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120
GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180
AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTAA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC 240
10 AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300
CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360
TCATGCAAAC ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC 420
TTAAACAGTG CCAGCCCCTG CCATCCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCAG GCGTCCTCCA 480
CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540
15 GGTCTTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG 600
CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT 660
AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTTGGG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT 720
GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT 780
TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840
20 TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900
CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960
CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020
GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080
AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG1140
25 GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC1200
ACCATCAAGA AGCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260
GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGCTTTTT TCCCAAAAAT1320
GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAAACCAA1380
ATCTAATAT 1389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

```

5  TGTATTGAGG TAATAAATTG TTTTACTGAC AATTTTTCCT TTTTCTACAC TAAAACAATA 60
   TGTGATATAT TTCCCTCTT GAAGAGGCAA TTCATTAAAC TCTCAAATTT TCTATAGAAT 120
   CAAGATAGAA CCTTTAGATA CTCCAACCTCA CCAAAATGTA AAAAAACTAA CAAAAATATT 180
   TGGTCTTCAA TAATGCTAAA TATCTACATT TTTAGAATTT ATCAACATTT AACTAGATAA 240
   TTGGGCATGT CTTAATTATG CATGTACTTA TCCATACTAA TAAAATTGAC AATGCTAGTG 300
   CATACTTATT GGTTTAGTCC TATTATCAGG ATATAATCAT CTGTGAGGAG GATATTTTAA 360
   ATACTGTAAA TGATAACAGT TAATGATATA CACATTTAGA CTGAGTTGCA CACTGGCAGG 420
10 GAGACCAAAA ACATTACTTC CATACTTGTG TCATGATTCT TTTTTTTTGG AGAGAGTCTC 480
   ACTCTGTCGC CAGGCTGGGA GTACAGTGGC ATGATCTCGG CTCACTGCAA CCTCT 535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1098 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

40 GTGATTTGAC ATTTGAACAA ATTAGGAAGC TGAATCCTGC AGCAAACCAC AGACTCAGGA 60
   ATGATTTCCC TGATGAAAAG ATCCCTACCC TAAGGGAAGC TGTGTCAGAG TGCCTAAACC 120
   ATAACCTCAC AATCTTCTTT GATGTCAAAG GCCATGCACA CAAGGCTACT GAGGCTCTAA 180
   AGAAAATGTA TATGGAATTT CCTCAACTGT ATAATAATAG TGTGGTCTGT TCTTTCTTGC 240
   CAGAAGTTAT CTACAAGATG AGACAAACAG ATCGGGATGT AATAACAGCA TTAACCTACA 300
   GACCTTGGAG CCTAAGCCAT ACAGGAGATG GGAAACCACG CTATGATACT TTCTGGAAAC 360
   ATTTTATATT TGTTATGATG GACATTTTGC TCGATTGGAG CATGCATAAT ATCTTGTGGT 420
45 ACCTGTGTGG AATTTAGCT TTCTCATGC AAAAGGATTT TGTATCCCCG GCCTACTTGA 480
   AGAAGTGGTC AGCTAAAGGA ATCCAGGTTG TTGGTTGGAC TGTTAATACC TTTGATGAAA 540
   AGAGTTACTA CGAATCCCAT CTTGGTTCCA GCTATATCAC TGACAGCATG GTAGAAGACT 600
   GCGAACCTCA CTTCTAGACT TTCACGGTGG GACGAAACGG GTTCAGAAAC TGCCAGGGGC 660
   CTCATACAGG GATATCAAAA TACCCTTTGT GCTAGCCCAG GCCCTGGGGA ATCAGGTGAC 720
50 TCACACAAAT GCAATAGTTG GTCACGTGCAT TTTTACCTGA ACCAAAGCTA AATCCGGTGT 780
   TGCCACCATG CACCATGGCA TGCCAGAGTT CAACACTGTT GCTCTTGAAA ATCTGGGTCT 840
   GAAAAACGC ACAAGAGCCC CTGCCCTGCC CTAGCTGAGG CACACAGGGA GACCCAGTGA 900
   GGATAAGCAC AGATTGAATT GTACAATTG CAGATGCAGA TGTAAATGCA TGGGACATGC 960

```

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAAAC T GCCCACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020
GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080
GGAGCACTAA AGGAAAAA 1098

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

30 TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60
ATGAAGGCAG CTTTTCTTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTTAAA 120
ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATTT 180
GTCCAATTTT TGTCTCTTCC TCACCATTTG GTATCTATTC TTTATATGTA AATAAGATAA 240
GGTCATCTGA TAGCCTTATT CAGTCTTCAT CATTTTCATC ATTGTTCCCTA TG TAGATTAT 300
35 TGGACATTTA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAAT CTGTAAATGA ATTAGCACTT 360
TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAAATAGC AAAATGTTTG CTGTTTATAA 420
AAAGATGTAA TGGGGTGGGG GGCAGGGGTA ATTTCAAGTT ATTAATTTAA AAATGAAC TA 480
GCAATTTTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTCGGT 540
ATGTAAAAAG GGGTTAGTGG TATTTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACCTCC CTCTGTGTCC 600
40 TGTTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTTGA ATACCAGACC TTAGTGTA 660
AAATAAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA AATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720
TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAGAA CTTAATTCGG 780
CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTT TCCTCATTGG 840
CCTGTTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAATGCA CACTTTACAA AATTGATATT 900
45 TAACACTTAC CCACTCCCCT TTCCCCATCT CTTCTACCGC TCTTGTGAT CGTGGTATCT 960
GATCTTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020
TACAAAAACA AGCCAGCAAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTTGCTTCC CTCTCTTCCT1080
AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAGAT GAGTCATACA1140
TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTT AAATTGAAAG CAACATCTTA1200
50 ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAACAGGT GAGAAAAAAA TTTATAACTG1260
TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320
TGTTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTTGG TTTTCTATTT1380
TAACACTGAA GGAGTGAAAG TATTTCCCTAT ATTTATGAAT TTACTACTAA AATCTTGCA1440

AAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTGTG GGTGAAACT GTTAATCAAG TGTTTCTACT1500
CCCCCCGAA AATCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560
ATTTCACTAT TATATAAAGT CAATAAAAT GAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620
CAGAGGGGAA ATAATGAATA GTATTAAAGA AACATTCTCG TCTTCCTTTA CCTTTAATCC1680
5 CCTAATACCT AGTCTACTTT TTAAATTTTC AGACTTCACT GCTTTTTGAA TTCATAATTC1740
TAATTTTCAC ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTTAG TTATTCCCAT1800
GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTTGTTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

30 CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQGFYSL 60
EGAPYCEGCY TDTLEKCNCT CEPITDRMLR ATGKAYHPC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120
NRPHCVPDYH KQYAPRC SVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180
ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 35 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

AARALKRPFP SGPPLDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPVVVADEV PHQKCGWGR RLPGVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120
HVPVQPVVRVS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHDSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60
IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPS DK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120
45 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRD SWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

15 PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

40 (A) LÄNGE: 291 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLQLHLKR IISDLCKLYN LPQHDPVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
10 ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
ADFILLNFSF KDNFPDPPF VRVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGS SAYSIESVIM240
QISATLVK GK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
35 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTT 253

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60
VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MHRDSCPLDC KVVVGNLGNN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA 60
30 DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRRS 120
FSRSRSRSLs RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRRSRSRS NERK 164

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCHELL SSWVSLESIT LSYNGLGSNI FRLLDSLRLAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60
PILELTRAIV RALPLLRLVS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG 148

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

EDGADGAFYP DEIQRPPVRV PSWGLEDNVV CSQPARNFRR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60
DPPSQHLRGH GTGFCFDSF DVHKKCPLE LMFPNYDQS KFEEHVESHV KVCPMCSEQF 120
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

25

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 282 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPMSVSSSC120
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

50

KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK

282

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60
RCKFNQQQT GEPDEEGTF RSSIRRLSTR RR 92

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALT L NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120
45 LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 50 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

15

FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSEFWA V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

20

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

FFLYSFPPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPPGQ FDH

53

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLEGGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPQGD 60
PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120
AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60
NSGQPLLPAD LNKGCAIVFY FIILLLLWS LSLAKFLFPF PGHRGPVFKR FHSEAEGAKS120
CLRSGL 126

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

25 IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQLGKG RERIFTFFKL LFSEWNKLGQ GAQALSSVPH 60
TPLLRSFIQK NIS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- 30 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

45

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60
LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFGG SVGGGTFCGV 120
WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA 144

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60
VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPTLSW WA

22

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109

10

GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 60
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGYI 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

35

PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

5 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

25 KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60
HLGAHCR 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAK 60
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD 120
50 QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLDTREEI LADV LKVEVF 180

RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS 240
FVPETT 246

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYP R SANPAMQLDR FIQVCTQLQV LTEAFREKDT AVQGNIRLSF 60
EDFVTMTASR ML 72

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 EHTHRCSDDL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGH LG

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

50 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

15 ATLWLAKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

- 20
- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- 45
- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

10 LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAY FSFWASRICW RSFLRFFPDS 60
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG 120
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

35

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

5

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

25

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60
NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ 120
CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

50

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

15 FFFPCQPPFIG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTPATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG 60
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

CALLPPTPSR TEP SLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60
QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

10 SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVS L 60
PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

15 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

30 LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

35 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKN I QHINRIYRDR NVPTDVLSP 120
FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

FDPKLLEGKV KEDPDQGESH KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYNTA 60
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPGVFV 120
ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVHR 180
LGSSAGKRY S PQFVKA AKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWIYIPDPTGK FNLIRRYTEI 240
SNIK 244

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

PSFIIHSNPI WL GALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60
PVV 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 5 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

20 DYLRLLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI 60
LAIPNPLPR 69

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

QPFYFNTPL SILHFPPLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP 47

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

15 VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

20 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

35 WKSWQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFVSVTH QSDKRLVTTL 60
PGLFSFYNSS SIHNDFVLCS IFFNPLSI 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M

21

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE

58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

50

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

5 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

20 SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLSHCEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY 60
CKLHFSS 67

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15 KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60
SPFTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

20 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

35 KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

40 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

30 MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60
LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

35 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60
HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSRs SANWERLRQG TLRRDLRGII 120
NRGLEDGESW EYQI 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

25 MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KVVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 30 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

45

VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

15

FFFLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

20

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLG YFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK

40

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKMC 60
IEFKTL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15 (A) LÄNGE: 23 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

30 PCCEVLAVGV NVWKCSQQVC WGV 23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSWQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIKQN KKSLLGIILFH DFFCSFTPEG RNGLQQVVEE 60
EGGEQVY 67

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

EGEPACSGIQ ARRVTCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60
25 DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

30

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

45

FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

50

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60
T 61

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC 22

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

10 TSGQRLQTHT YIHAHKISAV EEAWNQTSV SSKKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

30 TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60
RCLSEQSVAI SR 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

35

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLEWQLT RS

32

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

50

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

15

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFHLHLIN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

20

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

40

(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

LFIFHRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNGVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60
HPNLRSTVYC NAIAQGGEED WDFAWQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 120
10 LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 180
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWALEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

5 SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 10 (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

25 HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

45 VEGTCS DGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60
HGSNQAH RAT DAASLTGTGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

20 RGHAVTEYLV GSLLLVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 25 (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDLPK 28

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 50 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60
HKTVI 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

35 CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

40

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIFIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFQVI

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

20 TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSAKRNENN 60
FWQDSVSSDR IQKQEKKPPK NTENIKNSHL KKS AFLTEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP 120
KPPSHWMGST VENSQNREL MAVHLKTLK VQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

25

(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

45 SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSKFN ESGQLSAFYL 60
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240
MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300
EKSS 304

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPST KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 60
RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFFEE 120
ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEGQGPGK GPRAKKALRG GRVSWENIG WAGNPFPLIL 180
SLAHSKLKAD FEKFERRV 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60
EGAFKK 66

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60
QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS 120
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPLWG LCVQRSGSET S 161

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

40

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIQLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

10

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG

32

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

20

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

25

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

40

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

45

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECNLH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60
KMYMEFPQLY NNSVVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH 120
FIFVMMDILL DWSMHNILWY LCGISAFMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK 180
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60
T 61

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF 24

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1880 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs
40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

5
CGCCGGGGGC CGGGGGCGGC CCAGGGGGGG GCCCGGGGCC GGGGCCCTGC CTGAGGCGAG 60
AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCGGCCACG AGCGCTTCCG CATTGCCAGC 120
GCCTGCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180
GGGGCCGCGC CCGGACCGCA TCTCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCTGGGA TCCTGTCCGC 240
10 ATCCACTGCA ACATCACGGA GTCATACCC TCTGTGCCCC CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300
GATGACCCTA ACTTGGCTGC TGTCTTGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGGAATACT 360
CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAAACTCTA TAACCTCCCT 420
CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480
GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540
15 TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600
AAAGAAAAC TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAAGAACC AGAGGCAAGA TTACTTAAAT 660
GGTGCAGTGT CTGGCTCGGT GCAGGCCACT GACCGGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720
TACCGATCAC AGAGTTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780
TATGATTGGA ATGTCAAACCT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTTGCA CAACGATCTC 840
20 CAGATCCTCA AAGAGAAAGA AGGAGCCGAC TTCATTCTAC TTAACCTTTT CTTTAAAGAT 900
AACTTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAGG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960
GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020
TACTCCATAG AGTCAGTGAT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080
GTGCAGTTT GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140
25 TCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAAACGGC TGGTACACAC CCCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200
CCCTGGAGTA TCACCCTTCC TCCCTCCCCA GGCACCACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260
TGTATTTGGA TCTCAGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTTTCCTG GACGTGATAG1320
CTCTGCCTAT TGCAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380
GAACTGTTT AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCCT1440
30 TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAACTT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAAACTCAG1500
CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTTAATTTA TTTTCTCTTA1560
TTTCATGTAC ACTGCTTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620
TCTTTGGGAA AACAATTACA GTTTGTTAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTTAT1680
TTTTATTTCG ACATCCCACC CCATCCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740
35 AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCCGCATT GCTGCTTAAG CAAGGGGAAC1800
TGGGGCTGAG CACACACCGG GGTGCCCCCG GATTTTTCCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860
CACCGGCCCC TTGGGATGCA 1880

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

```
10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
15 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
GTGGTCTACC TGC GGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
20 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
25 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGTGTC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1020
AAAA 1024
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2383 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

```

CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC 60
AAGAAAGTAA TGGTGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
GCATTTTCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTTTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
5 TTGCTTTGCT TTTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACCAAAA GTCTTAGGAG 240
AAAAACTGCT TTCATAATTT CCAGTGTAAG CCACAAAGAA GCTTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
AAGCTTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
AAATAAAAAA ACACTTATCA ATCATGAGTA TACTGTTTGT ATTCTGGAAG AAGCAACATA 420
TTTCATGCTT TGAATATTTT CTCTTGAGAA TAGTTTTTAAA GTTATTTTCTT TTTGTAACAT 480
10 TCAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATTC TCTGTATGAT TAACATTCTG 540
TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
GAATGCATCA CCTGTGCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTTG TTAAGTTCAG CAGATGAATG 660
TAACACAGT CACTTGTTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTTAA AAAACAAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
15 CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
CCAAAAAAAT ATGCAAAACAC AGGTTTGCTA AATTTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
TTTAAAGTAG AAAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTTT ACATTCACCA 960
AAACATTTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG1020
ATTACTGCAT TTATTCTCCA GAAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT1080
20 TTAAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACCTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAAACT1140
ATTTAATGCA TATCTGCCCC ATTAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT1200
GAGTCACTTC ATTTCTTTCT GTTGCTCCA GTTGCCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAAT1260
ATATTTAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTGAAC1320
CCATACATTG GTGATACTTC TGCACGCTTG ATTACTTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC1380
25 ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGCCACG1440
GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGC CCAGGCCAC1500
TCCCAGGGGT GCACCCATGT TCAGAAACTT TTCACTGGGC GCACACATGG CCACAGTGA1560
GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCAGCTCTG ATGAGAAGAG GACCCCTAA1620
TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAGCAACC AAGCAAGATG1680
30 CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCAG CTCCAACCAT1740
GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTCACCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC1800
AGGCGTTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA1860
CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTTCAAT1920
AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCCAA GACCAACAGC1980
35 AGCCCTCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TTAAATATTT TTTCCATCGA2040
TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCAATTCT2100
TGTTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTTCG TGATGGAATT2160
CTTCACAACA GGGGAGGCC TGGTGAAAGC TGGGTGGAAA ACCCTAGAAG GTAGTGTCCG2220
GAGACACACC AGCCTTGCAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT2280
40 GAAATGCTCG GTCCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG2340
GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCATGTCGC AAC 2383

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3210 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

GCAAGGCCTA CTGTCGGCTG GGAGGGGAGG TGTAGCCGGT CTTTGGGGGT AGGCGGTAGT 60
GGCGGAAGAG GTTCGGCGGC TGATGGCGGA TCAGGATCGG AAGCCTGCGT AACTTTCTCC 120
15 CTTGATCCGG GAGTCTTTCC ACTGGATTCA CAATGACATC CTTTCAAGAA GTCCCATTCG 180
AGACTTCCAA CTTTGCCCAT GTCATCTTTC AAAATGTGGC CAAGAGTTAC CTTCTAATG 240
CACACCTGGA ATGTCATTAC ACCTTAACTC CATATATTCA TCCACATCCA AAAGATTGGG 300
TTGGTATATT CAAGGTTGGA TGGAGTACTG CTCGTGATTA TTACACGTTT TTATGGTCCC 360
CTATGCCTGA ACATTATGTG GAAGGATCAA CAGTCAATTG TGTACTAGCA TTCCAAGGAT 420
20 ATTACCTTCC AAATGATGAT GGAGAATTTT ATCAGTTCTG TTACGTTACC CATAAGGGTG 480
AAATTTCGTGG AGCAAGTACA CCTTTCCAGT TTCGAGCTTC TTCTCCAGTT GAAGAGCTGC 540
TTACTATGGA AGATGAAGGA AATTCTGACA TGTTAGTGGT GACCACAAAA GCAGGCCTTC 600
TTGAGTTGAA AATTGAGAAA ACCATGAAAG AAAAAAGAAG ACTGTTAAAG TTAATTGCCG 660
TTCTGGA AAAAGAAACAGCA CAACTTCGAG AACAAAGTTGG GAGAATGGAA AGAGAACTTA 720
25 ACCATGAGAA AGAAAGATGT GACCAACTGC AAGCAGAACA AAAGGGTCTT ACTGAAGTAA 780
CACAAAGCTT AAAAATGGAA AATGAAGAGT TTAAGAAGAG GTTCAGTGAT GCTACATCCA 840
AAGCCCATCA GCTTGAGGAA GATATTGTGT CAGTAACACA TAAAGCAATT GAAAAAGAAA 900
CGAATTAGA CAGTTTAAAG GACAACTCA AGAAGGCACA ACATGAAAGA GAACAACTTG 960
AATGTCAGTT GAAGACAGAG AAGGATGAAA AGGAACTTTA TAAGGTACAT TTGAAGAATA1020
30 CAGAAATAGA AAATACCAAG CTTATGTCAG AGGTCCAGAC TTTAAAAAAT TTAGATGGGA1080
ACAAAGAAAG CGTGATTACT CATTTCAAAG AAGAGATTGG CAGGCTGCAG TTATGTTTGG1140
CTGAAAAGGA AAATCTGCAA AGAACTTTCC TGCTTACAAC CTCAAGTAAA GAAGATACTT1200
GTTTTTTAAA GGAGCAACTT CGTAAAGCAG AGGAACAGGT TCAGGCAACT CGGCAAGAAG1260
TTGTCTTTCT GGCTAAAGAA CTCAGTGATG CTGTCAACGT ACGAGACAGA ACGATGGCAG1320
35 ACCTGCATAC TGCACGCTTG GAAAACGAGA AAGTGAAAAA GCAGTTAGCT GATGCAGTGG1380
CAGAACTTAA ACTAAATGCT ATGAAAAAAG ATCAGGACAA GACTGATACA CTGGAACACG1440
AACTAAGAAG AGAAGTTGAA GATCTGAAAC TCCGTCTTCA GATGGCTGCA GACCATTATA1500
AAGAAAAATT TAAGGAATGC CAAAGGCTCC AAAAACAAAT AAACAACTT TCAGATCAAT1560
CAGCTAATAA TAATAATGTC TTCACAAAGA AAACGGGGAA TCAGCAGAAA TGAATGATG1620
40 CTTTCAGTAAA CACATAGCCCA GCCACTTCTG CCTCTACTGT AGATGTAAAG CCATCACCTT1680
CTGCAGCAGA GGCAGATTTT GACATAGTAA CAAAGGGGCA AGTCTGTGAA ATGACCAAAG1740
AAATTGCTGA CAAAACAGAA AAGTATAATA AATGTAAACA ACTCTTGCAG GATGAGAAAG1800
CAAAATGCAA TAAATATGCT GATGAACTTG CAAAATGGA GCTGAAATGG AAAGAACAAG1860
TGAAAATTGC TGAAAATGTA AAACCTGAAC TAGCTGAAGT ACAGGACAAT TATAAAGAAC1920
45 TTAAAGGAG TCTAGAAAAT CCAGCAGAAA GGAAAATGGA AGATGGAGCA GATGGTGCTT1980
TTTACCCAGA TGAAATACAA AGGCCACCTG TCAGAGTCCC CTCTTGGGGA CTGGAAGACA2040
ATGTTGTCTG CAGCCAGCCT GCTCGAACT TTAGTCGGCC TGATGGCTTA GAGGACTCTG2100
AGGATAGCAA AGAAGATGAG AATGTGCCA CTGCTCCTGA TCCTCCAAGT CAACATTTAC2160
GTGGGCATGG GACAGGCTTT TGCTTTGATT CCAGCTTTGA TGTTCAAG AAGTGTCCCC2220
50 TCTGTGAGTT AATGTTTCCT CCTAACTATG ATCAGAGCAA ATTTGAAGAA CATGTTGAAA2280
GTCAGTGGA GGTGTGCCCC ATGTGCAGCG AGCAGTTCCC TCCTGACTAT GACCAGCAGG2340
TGTTTGAAAG GCATGTGCAG ACCCATTTTG ATCAGAAATG TCTAAATTTT GACTAGTTAC2400
TTTTTATTAT GAGTTAATAT AGTTTAGCAG TAAAAA AAAA AAAA CACACCTTAA2460
ATAGACCCT GAGGAGACCA TAGAGCGGAT GCTTTTCATG ACCCTTTACT GCACTTTCTG2520
55 ACCAGGAGCT ACTTTGAGTT TGGTGTACT AGGATCAGGG TCAGTCTTTG GCTTATCAAT2580
AAATTTTAAT CTCTGTAAAT CTTACCTGCT TAAAAA AAAA GTTCTTGTGT GTTCGTATCT2640

```

TTATTTATTC CCTAGTTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700
TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTTAGCAGA ATATTCACAA2760
GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTAATAAATA TTATGTAATA AAAAGCATTT2820
GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTCTCTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCATG2880
5 AAATGATAGG TTTTAAATTT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTTT2940
TATATGTGAA ATATTGGTTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTTGCTAA TTTTATGGCA3000
AAATTTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTTT TAAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060
CTAATGGGGA AATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120
CATAACCAGG GGGTGTGTTG GGCATAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTTTG3180
10 CATTTCCCTG TGGGGATTTA ATTTGGAATT 3210

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1030 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

```

CCGCTTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CCGTGTTTCG 60
CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120
GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180
40 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240
CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300
TTCTCTTAAC TACAGTGACT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360
TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTTG 420
CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTTACGC 480
45 TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540
AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600
AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660
CAGGATTTCT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGAG 720
GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAACTGT 780
50 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840
TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAGTA TCTCAGCTCA 900
ACTGAAGAAC AACAAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960
TATAGAAACT GTTTCATTAA GTAATAAAGT TTGAACAAT GATTAAAAAA AAAAAAAA1020

```

AAAAAGTTTT

1030

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1216 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT	GGACAAC TGT	TACTGTTCTT	CCGTGGCCAA	CCATGGCGGC	CACCAGCCCT	60
ACCCCCGCTC	CGGCCACTTT	CCCTGGACAG	TGCCCTCGCA	GGAGTACTCA	CACCCGCTCC	120
CGCCCACACC	CTCCGTC CCC	CAGTCCCTTC	CCAGCCTGGC	GGTCAGAGAC	TGGCTTGACG	180
CCTCCCAGCA	GCCCGGCCAC	CAGGATTTCT	ACAGGGTGTA	TGGGCAGCCG	TCCACCAAAC	240
ACTACGTGAC	GAGCTAACGC	CACGCAGGCG	GCGGGGCGCT	GGGGAATCTT	CCTCCCCAGC	300
CCCCGGGCTC	GGGAGTTATG	CATCCAGAGA	CCTGCCCTTC	TACCTTCCTC	GCCTCCCCCTC	360
TTCTTCATTC	CATTGCCCCA	GGTCTTTTCC	TTTTGGATTT	TGTTTTGGTT	TTGGCTTTGT	420
35 TTTTGATTTT	TTTTTATTAT	GAATCTCCTG	GACGCAGAGG	TGACAGTGGG	AGCTGGCCTG	480
GGCCAGGACG	GCAGGTGGCC	CTGGAGATGG	GAAAGTGTCT	GTGTCGAGGC	GCTGAGCTCT	540
CTCTCTGTTT	CTCCTTTTTT	CCTCTACTCC	TTCCCTTTCA	CACCCCCGTG	GCTGGAAGGA	600
ACCTCGGCTT	CCCTGAAAGC	TTGGGGGTCC	CACCCTTCTT	ACCCACCCG	GGAGGAACGC	660
CCAGGGCCCC	GGGCTTGTTT	CTCCTCTTGT	TTTCCTTTTG	GGCAGTTTGA	TCACTGATCG	720
40 AGTAAGGAAT	GACCTTTAGA	TTGTGCGACT	TTTGTTTTTG	TTTTTTTAAA	TTTTTTTAAA	780
CCAAGAATGA	TTTCTCCTGC	TTCTTCTTCC	TCACCATCTT	CCCAGACGGA	GTTCAAAGGC	840
CACTTCTCAA	GCAGCTTTTG	GCACCTTCAG	CCTCAGAGTG	GAATCTTTTA	AAGACAGGAC	900
CCCTATGTCC	AGGAAAGGGG	AAAAGGAACT	TTGCCAATGA	TAGTGACCAC	AGCAAAAGCA	960
ATAAAATAAT	AAAATAAAAA	ACAATAGCAC	AGCCCTTGTT	GAGGTCAGCA	GGGAGGAGGG	1020
45 GCTGCCCGGA	GTTGGGTCCT	TGCCTGGATT	TTGACACAGC	AACTTCCTGT	AGTGAGCACT	1080
TTGTATGAAT	CGTGGACTTC	CTGTTCTCAA	GGCGCAGGTA	TTTATTCTGT	ATCTGTCTAG	1140
AGCACACACC	AAAATCCAAC	CTTCTAATAA	ACATGATGGC	GCAGTCCCAA	AAAAAAGAAA	1200
CAGAAGAAGA	AAAGGG					1216

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2369 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```
CGGGCGCCCG GGCAGAGTC CGGCCGAGC GGAGGAGCCC GGCCCCAGGG ACAGCTCGGC 60
CGTCATTACT CAGATCAGCA AGGAGGAGGC TCGGGGCCCC CTGCGGGGCA AAGGTGACCA 120
GAAGTCAGCA GCTTCCCAGA AGCCCCGAAG CCGGGGCATC CTCCACTCAC TCTTCTGCTG 180
25 TGTCTGCCGG GATGATGGGG AGGCCCTGCC TGCTCACAGC GGGGCGCCCC TGCTTGTTGA 240
GGAGAATGGA GCCATCCCTA AGACCCAGT CCAATACCTG CTCCCTGAGG CCAAGGCCCA 300
GGACTCAGAC AAGATCTGCG TGGTCATCGA CCTGGACGAG ACCCTGGTGC ACAGCTCCTT 360
CAAGCCAGTG AACAACGCGG ACTTCATCAT CCCTGTGGAG ATTGATGGGG TGGTCCACCA 420
GGTCTACGTG TTGAAGCGTC CTCACGTGGA TGAGTTCCTG CAGCGAATGG GCGAGCTCTT 480
30 TGAATGTGTG CTGTTCACTG CTAGCCTCGC CAAGTACGCA GACCCAGTAG CTGACCTGCT 540
GGACAAATGG GGGGCCTTCC GGGCCCGGCT GTTTCGAGAG TCCTGCGTCT TCCACCGGGG 600
GAATACGTG AAGGACCTGA GCCGGTTGGG TCGAGACCTG CGGCGGGTGC TCATCCTGGA 660
CAATTCACCT GCCTCCTATG TCTTCCATCC AGACAATGCT GTACCGGTGG CCTCGTGGTT 720
TGACAACATG AGTGACACAG AGCTCCACGA CCTCCTCCCC TTCTTCGAGC AACTCAGCCG 780
35 TGTGGACGAC GTGTACTCAG TGCTCAGGCA GCCACGGCCA GGGAGCTAGT GAGGGTGATG 840
GGGCCAGGAC CTGCCCCCTGA CCAATGATAC CCACACCTCC TCCCAGGAAG ACTGCCAGG 900
CCTTTGTTAG GAAAACCCAT GGGCCCGCCG CACACTCAGT GCCATGGGGA AGCGGGCGTC 960
TCCCCACCA GCCCACCAG GCGGTGTAGG GGCAGCAGGC TGCAGTGGG ACCGTGAGCT1020
CCAGGCCCG TGTCAGTGCC TTCAAACCTC CTCCCCTATT CTCAGGGGAC CTGGGGGGCC1080
40 CTGCCTGCTG CTCCCTTTTT CTGTCTCTGT CCATGCTGCC ATGTTTCTCT GCTGCCAAAT1140
TGGGCCCCCTT GGCCCTTCC GGTCTGCTT CCTGGGGGCA GGGTTCCTGC CTTGGACCCC1200
CAGTCTGGGA ACGGTGGACA TCAAGTGCCT TGCATAGAGC CCCCTCTTCC CCGCCAGCT1260
TTCCAGGGG CACAGCTCTA GGCTGGGAGG GGAGAACCAG CCCCTCCCC TGCCCCACCT1320
CCTCCCTTGG GACTGAGAGG GCCCTACCA ACCTTTGCCT CTGCCTTGGG GGGAGGGGAG1380
45 GTCTGTTACC ACTGGGGAAG GCAGCAGGAG TCTGTCTTC AGGCCCCACA GTGCAGCTT1440
TCCAGGGCCG ACAGCTGAGG GCTGCTCCCT GCATCATCCA AGCAATGACC TCAGACTTCT1500
GCCTTAACCA GCGCCGGGGC TTGGCTCCCC CAGCTCTGAG CGTGGGGGCA TAGGCAGGAC1560
CCCCCTTGTG GTGCCATATA AATATGTACA TGTGTATATA GATTTTATAG GGAAGGAGAG1620
AGGGAAGGGT CAGGGTAGAG ACACCCCTCC CTTGCCCCCT TCCTGGGGCC AGAAGTTGGG1680
50 GGGAGGGAGG GAAAGGATTT TTACATTTTT TAACTGCTA TTTTCTGAAT GGAACAAGAT1740
GGGCCAAGG GCCCAGGCC TGTCCTCTGT CCCTCACACC CCTTTGCTCC GTTCAATCAT1800
TCAAAAAAAT ATTTCTTGAG CACCTTCTGT GCCCAGCATA TGCTAGGCC ACCAGTAAG1860
TGTGTGTGG GGTCTCTAC GCCAGCTCAT CAGTGCCTCC TTGCCCATCC TTCACCGGTG1920
CCTTTGGGG ATCTGTAGGA GGTGGGACCT TCTGTGGGT TTGGGGATCT CCAGGAAGCC1980
```

CGACCAAGCT GTCCCCTTCC CCTGTGCCAA CCCATCTCCT ACAGCCCCCT GCCTGATCCC2040
 CTGCTGGCTG GGGGCAGCTC CCAGGATATC CTGCCTTCCA ACTGTTTCTG AAGCCCCTCC2100
 TCCTAACATG GCGATTCCGG AGGTCAAGGC CTTGGGCTCT CCCCAGGGTC TAACGGTTAA2160
 GGGGACCCAC ATACCAGTGC CAAGGGGGAT GTCAAGTGGT GATGTCGTTG TGCTCCCCTC2220
 5 CCCCAGAGCG GGTGGGCGGG GGTGAATAT GGTGGCCTG CATCAGGTGG CCTTCCCATT2280
 TAAGTGCCCTT CTCTGTGACT GAGAGCCCTA GTGTGATGAG AACTAAAGAG AAAGCCAGAC2340
 CCCTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2369

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:849 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60
 35 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180
 GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAACCTGC TTTCTCCTTT 240
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCTTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300
 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360
 40 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA AACTACAAAA AAAACCATGG 600
 CTTTCATATG GACAGATAAA ATGAAAGAGA GGGAAAAGGC AGTGGTGTGT AGGCAAATAT 660
 45 GGTGTTGGCAT TTGTCTTTTA ATGACACCTG ATATGATGTC ATTTTGATTG TGAAATTGAA 720
 CACTAGAACT GTTAATCACC TTTAAAAAGG AAGAGCTTAT TGGGGATTAT ATATTCCTTA 780
 AAAATATACA TGGGGGCTG AATGTCAGCC ATCTGTATAC TGTGGGGAAA AGGGGTTTGG 840
 GTGCAATTC 849

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1502 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

```
CCTTACCGGC AGGGCTGCCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC 60
TACTACCCTG GACTCCCCTC TGGAAGTCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGTCCCCGGG 120
GGCCCCTATG GTCAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA 180
25 CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC 240
TCAGATCACA GTGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT 300
TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTTGA CAAGACCAAG 360
TCAGGCCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGGAAAG 420
AACCTCTTCC AGCAGTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG 480
30 CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACCTG AGCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC 540
CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC 600
ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCTTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC 660
ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTCGTCACC ATGACAGCTT CTCGGATGCT ATGACCCAAC 720
CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAGGGAC CTTTCCTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAGTA 780
35 TGTGGACATC TCTTCTTTTC CTGTCCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC 840
ACTGTTCCAA AAGAGGGTGG AGAGTCCTGC ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG 900
CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG 960
CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCCTGGCA CCAGGAGCAG GTCCTTGTA TGGAGTTAGT1020
GTCCAGTCAG CTGAGCTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT1080
40 TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG1140
AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC1200
CCATAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGGCT GGCCCTGCTC AGACAAATCT1260
GCTCCCTGGG CATCTTTGGC CAGGCTTCTG CCCTCTGCAG CTGGGACCCC TCACTTGCCT1320
GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT1380
45 TTTTTTAATT TGCATTTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA1440
ATAAAAGGAT GAAACTCTGG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1500
AA 1502
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1892 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE-HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```
CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTTCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG 60
TGTATTCAAC ATTGTCTGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120
CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180
GTTGGCTCTG TGTCAGTTTT CCACTCAGTG TTAATACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240
CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300
AAGCACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360
TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420
AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480
TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATTCTTG GCATAATAAT CAGCTACATA 540
CAAATCACAT ATAGTTTAAAT CTTTTTTAAT GGAAAAAAAA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600
GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660
ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTC TAATTTATAT 720
AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTCTTC 780
TCTCCCTCTA TGAATCCTTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTGTAGA GGCAATTGGC 840
AATTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTTGGT CAAATCTTGA ATTTCTGTTG TGCACCTAG 900
TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960
GCTTATTGTG GTTAGTGTGT ATCAGGAACA CACACACAGG TGTCTGACC AGCTCAGGCT1020
TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAAGT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080
TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCT1140
TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAATCAGC TGTGGGTTT TTGTGGGTT1200
TTGTTTGTGTT TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTGTT TTTAACCCCC AGCCCCTCAA1260
AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTG1320
AGCAAAATCT GGAAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT AACTATCTG AAATGTGATT1380
TGTTAAGATT CTAAATTTG GGCTCTTAG AATAATTTTG AATGAGATCT ACCGACTCAC1440
TTGTGAGAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCTTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTGTT1500
TCCCCCTGTT GGTACATTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560
GGGTGTTTTT TGGAATCATT TGCTGAGTCA TTTTCTCAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620
TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680
GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740
GTAGTGCAAT GAATTTTAT TTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800
TGGTAATAAA TGTATGATGT ACCTTAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1860
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1522 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```
25 CAGGAGTGCG GACCAGCGGG TGCCTGTAGT GGGTGGAAATT GGGGTCTGCA CTTGCCCCCTC 60
   CGCCCCCAGG TGGGAGTCAC CTGGAGCGTG AAGGGACGTG TCTCATCCCC AGTGTGTCGG 120
   ACCCTGGAGA CACAGCCGCA GAGCAGCCCC TTCTCATGCA TGGACCTCAC CTACGTCAGC 180
   CTGCTACTCC AGGAGTTCGG CTTTCCCAGG AGCAAAGTGC TGAAGCTCAC TCGGAAAATT 240
   GACAAATGTTG AGACCAGCTG GGCTCTGGGG GCCATTTTTC ATTACATCGA CTCCCTGAAC 300
30 AGACAGAAGA GTCCAGCCTC ATAGTGGCCG AGCCATCCCT GTCCCCGTCA GCAGTGTCTG 360
   TGTGTCTGCA TAAACCCTCC TGTCCTGGAC GTGACTTCAT CCTGAGGAGC CACAGCACAG 420
   GCCGTGCTGG CACTTTCTGC ACACTGGCTC TGGGACTTGC AGAAGGCCTG GTGCTGCCCT 480
   GGCATCAGCC TCTTCCAGTC ACATCTGGCC AGAGGGCTGT CTGGACCTGG GCCCTGTCTA 540
   ATGCCACCTG TCTGCCTGGG CTCCAAGTGG GCAGGACCAG GACAGAACCA GAGCACACA 600
35 CTGAGGGGGC AGTGTGGCTC CCTGCCTGTC CCATCCCCAT GCCCGTCCG CGGGGCTGTG 660
   GCTGCTGCTG TGCATGTCCC TGCGATGGGA GTCTTGCTC CCAGCCTGTC AGTTTCCTCC 720
   CCAGGGCAGA GCTCCCCTTC CTGCNAGAGT CTGGGAGGCG GTGCAGGCTG TCCTGGCTGC 780
   TCTGGGGAAG CCGAGGGACA GCCATAACAC CCCCAGGACA GTAGGTCTGG GCGGCACCAC 840
   TGGGAACCTC GGAAGTGTAGT GTGTTTGCCT CTTCTTTGGG TATGAATGTG TGAGTTCACC 900
40 CAGAGGCCTG CTCTCCTCAC ACATTGTGTG GTTTGGGGTT AATGATGGAG GGAGACACCT 960
   CCTCATAGAC GGCAGGTGCC CACCTTTCAG GGAGTCTCCC AGCATGGGCG GATGCCGGGC 1020
   ATGAGCTGCT GTAAACTATT TGTGGCTGTG CTGCTTGAGT GACGTCTCTG TCGTGTGGGT 1080
   GCCAAGTGCT TGTGTAGAAA CTGTGTTCTG AGCCCCCTTT TCTGGACACC AACTGTGTCC 1140
   TGTGAATGTA TCGCTACTGT GAGCTGTTCC CGCCTAGCCA GGGCCATGTC TTAGGTGCAG 1200
45 CTGTGCCACG GGTGAGCTGA GCCACAGTCC CAGAACCAAG CTCTCGGTGT CTCGGGCCAC 1260
   CATCCGCCCA CCTCGGGCTG ACCCCACCTC CTCCATGGAC AGTGTGAGCC CCGGGCCGTG 1320
   CATCCTGCTC AGTGTGGCGT CAGTGTGCGG GCTGAGCCCC TTGAGCTGCT TCAGTGAATG 1380
   TACAGTGCCC GGCACGAGCT GAACCTCATG TGTTCCACTC CCAATAAAAG GTTGACAGGG 1440
   AAAAAAAAAA AAAAAAACT CGAGCGGAAC GAGCTCACTT TCTTCTAGCT GAGCTTTAAA 1500
50 ACATTAGAGC TTAAATTTTC AG 1522
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2016 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

```
25 GAGAAAATGG AGGCCTTTGG GGAAGGGGCA GGGTGGGAGG ATTTCTTCTC CACACAGACC 60
TTAACCTTCC AATCTATTCT GCAGATGAAG AATGCCGACT ACTTCTCCAA CTATGTCACA 120
GAGGACTTTA CCACCTACAT TAACAGGAAG CGGAAAAACA ATTGCCATGG CAACCACATT 180
GAGATGCAGG CCATGGCAGA GATGTACAAC CGTCCTGTGG AGGTGTACCA GTACAGCACA 240
GAACCCATCA ACACATTCCA TGGGATACAT CAAAACGAGG ACGAACCCAT TCGTGTTAGC 300
TACCATCGGA ATATCCACTA TAATTCAGTG GTGAATCCTA ACAAGGCCAC CATTGGTGTG 360
30 GGGCTGGGCC TGCCATCATT CAAACCAGGG TTTGCAGAGC AGTCTCTGAT GAAGAATGCC 420
ATAAAAACAT CGGAGGAGTC ATGGATTGAA CAGCAGATGC TAGAAGACAA GAAACGGGCC 480
ACAGACTGGG AGGCCACAAA TGAAGCCATC GAGGAGCAGG TGGCTCGGGA ATCCTACCTG 540
CAGTGGTTGC GGGATCAGGA GAAACAGGCT CGCCAGGTCC GAGGCCCCAG CCAGCCCCGG 600
AAAGCCAGCG CCACATGCAG TTCGGCCACA GCAGCAGCCT CCAGTGGCCT GGAGGAGTGG 660
35 ACTAGCCGGT CCCC GCGGCA GGGAGTTCAG CCTCGTCACC TGAGCACCCCT GAGCTGCATG 720
CTGAATTGGG CATGAAGCCC CCTTCCCCAG GCACTGTTTT AGCTCTTGCC AAACCTCCTT 780
CGCCCTGTGC GCCAGGTACA AGCAGTCAGT TCTCGGCAGG GGCCGACCGG GCAACTTCCC 840
CCCTTGTGTC CCTCTACCTT GCTTTGGAGT GCCGGGCCCT CATTCAGCAG ATGTCCCCCT 900
CTGCCTTTGG TCTGAATGAC TGGGATGATG ATGAGATCCT AGCTTCGGTG CTGGCAGTGT 960
40 CCAAACAGGA ATACCTAGAC AGTATGAAGA AAAACAAAGT GCACAGAGAC CCGCCCCCAG 1020
ACAAGAGTTG ATGGAGACCC AGGGATTGGA CACCATCTCC CAACCCAGT ACTCCTGCTC 1080
TCCGGTGCCA CCTCACCTTC TTTGGCTTCT TCCCTCTTGC CTCCTTCTGT TCTTCTCTGCT 1140
CTCCCTCTTT TTCCCTCCTC CTCACTTCCC TCTGGCTAGC CCACCCCTGC ACTCTCTCTC 1200
ATTGCCGCTG CCACTATCAC CTGTCTCTCT GCCAGCTGAT GTGCCCTGTT GCCCCCCACC 1260
45 CCATCCCGCA CAGAACCATC CCTGCATTCC ACAGGGGACT CGGGCAAGGG TGCCGAAGAT 1320
AGACAAGAGG CACACAGAGA CAGACAACT GGCAGCCAGG CAGCCCCAGA GGAGAGAGAC 1380
ATTGAGACAG AGGAAAGTCT CCCTGCCCCCT CATTCCTTCC AAGATGAGAA AAAGTGGCCG 1440
CCACCCCCCG ACACTGATGC CAGGGAGGTG GGAGGAAGAA GTGGGAAATT TCCCTTCCCA 1500
GTACCCCCAA GAACGTCTGA GCCTTCAATG TTGAATTTTT TCTTTATTAA AATTACTTTT 1560
50 ATCTTATAAA ATCAACTAAT CAAAAATGAT ATAGACGACA GCACTGGGCTC TGTGAAGGTG 1620
GCATCTTTCT GGGCAGGCAG GCCATGGGGC ATGGAGGAGG GTGCAAAGAT ATGGGTTGCT 1680
GTCTTCTGGC CTCCAGCTGC ATGGAGGCCG GCCCAGGGTC TAGGGTGTGC ACTGGGCAAG 1740
GGCAGGGCGG CAGGTGTCAG GCCGGCTTGG ACAATGAAAC CCTGACCTTG CTGCATTCTT 1800
TTTGCTTCCA CCACCACTAG CTTCTTTGGA ATCTTGGGGT GGGGGTTCATC TTTGGGGATT 1860
```

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920
CCCGTGGCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCTTGGC ACAATAAAC1980
CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGAC 2016

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30 CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120
CCGTTGCAAA CATTTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240
GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAGAATA 300
35 TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360
CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420
ATTTGGGAGA CATTTCCTTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAAG GAAAATGAAG 480
ATTACAATGA CGTCCTGACT GTGACGGCCA CCCACGGACT CTGTCACTTG CTGGGATTCA 540
CACACGGCAC GGAGGCAGAG TGGCAGCAGA TGTTCAGAA GGAGAAGGCG GTGCTGGACG 600
40 AGCTGGGCCG ACGCACGGGG ACCCGGCTGC AAGCCCTGAC CCGGGGCCCTC TTCGGAGGGA 660
GCTGAGGGCC GCGTTCCTTC TGAAAGCGGG ACGCGGGAGG GGTGGAGGCT GCGGGGAGCC 720
GGGGTCGCAC ACAAATAAAT AACGAATGAA CGTAAAAAAA AAAAA 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1611 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:

```
CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG 60
CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120
20 TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTGCTCTC TTCTTACTGG 180
TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTGAG 240
GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300
GGAGACAAGA GGAGATTCCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360
TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGACAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420
25 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480
TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540
CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600
TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660
TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720
30 ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780
ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840
TTAATCCTGG AGTTTTTGT T GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAATAACC 900
AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960
GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020
35 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTTG1080
TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140
CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200
TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAACATAA AGTGAAACAG AATTTGAACT GTAAGCAAGC1260
ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT1320
40 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAAGTACC1380
CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT1440
ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT1500
CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC1560
TGATCTGTAA ATAAACTTA CATTTTTCAA AAAAAAAAAA AAAAAAAGA T 1611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1473 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

```
GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG 60
AACGGCAGCG AGGAGGCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCGC AACAGCAGGT ATCCCAATAG 120
20 CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTCC CTTCTTTTGG 180
GGGGTGGGGG AGGAACTCAC GGAGCCAAAG GTACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC 240
CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA 300
CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA 360
GGTCCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT 420
25 ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTTC TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG 480
AACCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG 540
GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCAGGG 600
GTGGAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT 660
GCTTTGGAAG TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT 720
30 CTGGCTTCTG CAAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT 780
TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT 840
CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC 900
TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA AACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC 960
ATCTCTCCAA GCTGAAGTTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG1020
35 GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCTCCT TGCCCGCAGC1080
TTCGAGAGCT GTGCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCAGTCT1140
GCGGGGAGAC TGGCTGCTGC ACCTACTACT ATGAGCTCTG GTGGTTCTGG CTGCTCTGGA1200
CTGTCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAATCAGGC1260
TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAATCA ACTTGTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG1320
40 GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTTCAGTGC TTGACCTCG CTTCTCAGC ACCTTCAAGC1380
CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTACCGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG1440
GCCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTCAG GTG 1473
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2503 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15

GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT 60
TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120
AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180
GAATATCTTA GATGATTTTA GAGAAGCTTA CTTTGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240
20 TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300
TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360
GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420
GGTTATTTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480
GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCGG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540
25 ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCTACT TTGTTGAATT GCCTTATGTA 600
TAAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCCAGGTTT 660
TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATCAAAC ATTTGGAAGA 720
AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780
GGAGACATTA GATCACAAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAAACAGA AGTATTTGTC 840
30 AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAAG 900
CAAGAAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960
TGTCCTTGTT AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020
ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTTAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080
AATAAAATTG GCTTGTTGAG AACAGCTGTT TTTTATTGG AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140
35 ACTGCTGTAA ATGTCTAGCA GCAGATTTTT TTTTATTGG TACATATTAT CCTCAAATC1200
TGAGAATTG GACTAACTGC ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCTTGGC ACATGCATAC1260
TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGCATTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320
TATGTAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380
GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440
40 TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTCATCAAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500
TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560
TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTACAGAGC1620
AGATTTTCATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680
ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740
45 GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800
TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAGACT TGTAACAACT TTGCCTGGAC TTTTTCATT1860
TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920
AAGCATTGTA TGAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAATAATGT1980
GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAAAATGTA AATGGAGATT ACTTCCAGTC ACTTCCAGC2040
50 TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100
GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACACCA2160
CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220
CAATATTCAG TGAGAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATCTTTTGA2280
TTTATAGAAT TCATTTTGA CCCAGATGAT GGTTCCTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340
55 ACATTTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400

TTTTATTTTA CTTTGTTGCT TTAAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGTTGACT GTAGGGGAAA2460
TAAAGTTAAT TCAAATTTTG AAAAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

30 AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCACT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
35 AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
40 AAGTTCACCTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTCAG CAAGGATTTC AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
45 GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA 1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT 1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC 1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT 1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT 1260
50 GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA 1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAA AGGTTTTTTA TACATTTCAA 1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC 1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCAT 1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
5 AAAAAACGG CTCGAG 1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA 60
TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTTCAC 120
AGGGCGGGGC CCTGTCCCTC TACACGGCCC TCACCTGCCC CCACCTCTG GCTGGCATCG 180
35 TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCACC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240
CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCCGTACGGT 300
TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360
AGACATAACC GGGTGTCTATG CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420
TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCCAGTGCA GTACCCCAGC 480
40 TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCCT 540
GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCTTTTCC CACAGGCCTC TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600
TGGCCGGGCC TTCCTTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660
CTTTCTTATC CATTTCCCTG GAGGCGGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720
GCAGCTGGAG AAAGGGGCCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TCACTAGCCC 780
45 CGCTTTGGGC CCCCTCCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCTG 840
CCCCAACTGA TTCTGCCCAG ATAATCGTGT CTCCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900
ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGTG GGCTCCCTGT CCCTGGGCAG 960
GAGTGCTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTTGA GGGGGGCCCT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA1020
CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCTG GAGCCTGTAG1080
50 GGCTGGACTG AGGTTTCAGGT CTCCCCCAG CTGTCTCACC CCCACTTTGT CCCCCTCTA1140
GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTTC TGTCTCCATG TGGTTTTTGG1200
GTGTTTTTCT TGTGTGTGCC TGGATTCCGA TAAATTAA GAAATTGCTT CCTCAAAAAA1260
AAAAAAAAA AAAAAAAGT CGACGC 1286

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1230 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

ATTCGGCAAC GAGGTGAGAA AATCCCTTTT AAGGCCAAGG AAAGCTGAAT GCTAGCAGCC 60
AGGCCTGTGG TACTTCCATG AGAAACCATA GCAGACAATG CCCTCCCAAG TACTGAAATC 120
ACACTGGAAT CCCCCTTGTT GGGTTCATTT GATTGTTTAA CACAGGATGT GTTGTGTCAT 180
30 TCTGAAGTTT TTATTTGGGG CAGAAGTCTT TATGGAGATG TAAATGACAG CGTTTCTGGG 240
TTATGCATAA CTTCTCACTG GTCAGAGACA CCGGTGTGTC AAGCATGGAT ATTGCATTGC 300
AAGACTTGAA TCTATAAAAA TTAGAATCAC ACAGTCAGTA CTACAAGCAA AACAGAGAAC 360
CTGAAAGAAG GTGCACAGAC TGTAAGAAAA AACCCAAGTT TGTGATATTT CAGTGATTCC 420
AAAGAACATT CTAGGTTTTT TGTTTGTTTT TTTGTTTTTT GGGTTTTTTT TTTTACTGCA 480
35 GAAAATTGGT GGTATTTTCA CATTCAATAGT GTTTCTATCC AATTCAGTA CCCACATTTA 540
ATGAGGAAAA AATGTTTTAC CAATGAAGGA GGAATCCTTA AATTAGCTGT AATGTTAGGT 600
TGGAGAAAAA TTGGTATTTA GGGTATTTTC AAGGTACCAT CAAATCAGAT TTCTGTTTTT 660
TTGTTAAAAA AAATTTTTTT AATCAGTATT GTTTTACAA GTAATATACT TTGAAACTCT 720
TGAACATAA GTCTCAAAAA CTCTAGAGGA CAGTCTGAGA ACACGTATTT CTATTGTTCT 780
40 AAATAAATAC ATGTTTTTGA ATAGTTCAAT CATGAATTAT TGACTATGTC TTCATCAAAA 840
GTGTTAATCC CTCTCAGGGT CTCTGGTGAA GACCTTCAAG AGTTTGGTTT TTTCTCCCAG 900
GAAATTGGAA GGTAGAATTG TAAATTCATA GAACTTCTTT TATAATGGTG TACCTCAGCA 960
GCTGCCTTTC AATTTATGCC AAGTCCTTAC AGAGTTTATA CTTGAATAGT AAATATGTCT 1020
TCTGAGTTTT ACAGTGCTT AAATCAATG CACATTTTTT TTTCTTCTTT TTCCACCCCT 1080
45 TCTTGTTTGT AGTTCATTAT ACCTGTCCTA TTACAGAACT GATTTCCTTC CTGGCTGTAC 1140
ATGTTGGGGT GCTGGATTTT TTTCCGTGTC TTTAGTCTTC GGATACATGT TCTCTTCTTT 1200
AGCTTGTTGT GAATACAGTA ATTTGCATTG 1230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2328 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

```

TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTA CTTTGTG 60
CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120
ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180
25 CCAGTGAGTC TTCGTCACTC TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240
TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC 300
ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360
GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420
TCTCTCTTTG TCCTCTCTCC CCTCTGCCCC GCCCGCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC 480
30 TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540
AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGC GCAG CCTGACTCCC 600
AGGCGCTGAG ATTGTTGCCT GGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660
TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTCG 720
AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTGCCCACCC 780
35 TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTCGA TTGGGCCCTG GGTCAATCAA ACCCAGGTCA 840
CCTCATTTCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900
CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960
TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAACAAA1020
ACAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTCC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG1080
40 GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAATAA1140
GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCAACCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200
CACCCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAACC TTATTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260
ATTTTTTTTA CAAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCCTC1320
TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380
45 TTCATACACT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440
GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCTCCCT ACCCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500
ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG1560
CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620
CCTCGCTCTC TGTCCAGCA ACCCTGGTTG GGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG1680
50 GGAGTGGACC CACCCAGGG CCTGTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACT1740
TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800
GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860
TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTTG1920
TTCCTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCCA1980
```

CTCCCAGACA CACACAAGTC CTCAAAAGTT TCAGCTCCGT GTGTGAGATG TGCAGGTTTT2040
TTCTAGGGGG TAGGGGGAGA CTAAAATCGA ATATAACTTA AAATGAAAGT ATACTTTTTTA2100
TAATTTTTCT TTTTAAACT TGGTGAAATT ATTTTCAGATA CATATTTTAG TGTCAAGGCA2160
GATTAGTTAT TTAGCCACCA AAAAAAGTA TTGTGTACAA TTTGGGGCCT CAAATTTGAC2220
5 TCTGCCTCAA AAAAAAGAAA TATATCCTAT GCAGAGTTAC AGTCACAAAG TTGTGTATTT2280
TATGTTACAA TAAAGCCTTC CTCTGAAGGG AAAAAAAAAA AAAAAAAA 2328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1767 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

TGTGACATTG TCCTGAGGTT CATCCGCCTA AATTATTATT AGCCATCCCT TACCAAATAT 60
TTCAAACCAG GCAAATGACT TCTGGAAGAG AGAGAAAGGA AGGGGAGAGG GAGGGAGAAT 120
35 ATGAGTAAGC AAGCAGGGTC ATATGGTTAA ACATGGAATT TTTTAAAGGA GTTATTACAA 180
GTGGGAAGTCA AATAGAAGT TGGTAGAATG CTTTGGGTAC AGGAATATGT TATGCAATAA 240
AGTGAGGAAG AGAAAAAGG AATAAGAAGG GAGGAATGTA ACTAGAGCAG CTCCCAACAG 300
TTTGCCATATG TATTTGCCAG CACCAAATTT CGTAGAGTAA GCCACTTACA TTTCCACTGC 360
TAGTATTAAG GAAAGACAGC AGTGGTGATT CTTATAAAGT GAGTATACAT TTATTCTTAT 420
40 TCTGATATGT GAATTTTTCT TTCACCAAGT AATTAAGTGG TAATTTGTAA ACAGTGGGAA 480
GAAGATTAGA ACAATTATGG AGGTACTGAA TTACACAAGG AGATTAAAT GAAATGAATC 540
AAACTAACCA CAAGATAGGT AGATTGATTC ATTTTCATTTT AATCTCCTTG TGTAAATCAG 600
TACCTCCATA ATTGTTCTAA TCTTCTTCCC ACTGTTTACA AATTACCAGT TAATTAATCTC 660
GTGAAAGAAA AATTCACATA TCAGAATAAA AATAAATGTA TACTCACTTT ATAAAAATCA 720
45 CCACTGCTGT CTTTCCTTAA TACTAGCAGT GGAAATGTAA GTGGCTTACT CTACAAATTT 780
TGGTGCTGGC AAATACATAG GCAAAGTGT GGGAGCTGCT CTAGTTACAT TCCTCCCTTC 840
TTATTCCCTT TTTCTCTTCC TCACTTTATT GCATAACATA TTCTGTACC CAAAGCATTC 900
TACCACAGT CTATTTGACT CCCACTTGTA ATAATCCTT TAAAAAATTC CATGTTTAA 960
CATATGACCC TGCTTGCTTA CTCATATTCT CCTCCCTCT CCCCTTCCTT TCTCTCTCTT1020
50 CCAGAAGTCA TTTGCCTGGT TTGAAATATT TTGTAGGGAT TGCTTATTAT ATTATTTTAG1080
CTGATGAACC TCAGGACAAC GTCTACACAC ACACACATAC ATACACGCAC ACAAATCTC1140
AGCTGTTGAA GAGTGGGCTT GGAATCAGAC TTCTGTGTCC AGTAAAAAAC TCCTGCACTG1200
AAGTCATTGT GACTTGAGTA GTTACAGACT GATTCCAGTG AACTTGATCT AATTCTTTT1260

GATCTAATGA ATGTGTCTGC TTACCTTGTT TCCTTTTAAT TGATAAGCTC CAAGTAGTTG1320
CTAATTTTTT GACAACCTTA AATGAGTTTC ATTCACCTCT TTTACTTAAT GTTTTAAGTA1380
TAGTACCAAT AATTTTCATTA ACCTGTTCTC AAGTGGTTTA GCTACCATTG TGCCATTTTT1440
AATTTTTTATT TAATTTTTATT TGCTTGAGCA CACTGATCAA CCACTGAACT GCCTTCTTCC1500
5 ATTGTCCTGC AATGATATAA GGGTTACATT TTTGTGTATA TGGCTTTCAT AGTTGGGATT1560
TCAGAGCACT GATACCAGAT ATTTTCAGTT TGTCTCTGG GGAATTTCA TTTGCATCTA1620
TGTTTTTAGC TATCTGTGAT AACTTGTTAA ATATTAAAAA GATATTTTGC TTCTATTGGA1680
ACATTTGTAT ACTCGCAACT ATATTTCTGT AAACAGCTGC AGTCAAAAAT AAAACACTGA1740
AAGTTTTTCAT TTTGCAGTGG AAAAAAA 1767

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

CATCGCCTTC ACCGGCGGCG GCAACATCGT GGTGGCCACG GCGGACGGCA GCAGCGCGTC 60
GCCCCGTGAG TTCTACAAGG TGTGCGTGAC GTGAGTGAGC GAGAAGTGCC GTATCGACAC 120
GGAGATCCTG CCCTCCCTGT TCATGCGCTG CACCACCGAC CTCAACCGCA AGGACAAGTT 180
CCCCGCCATC ACCCACCTCA AGTTCCCTGGC CCGGGACATG TCGGAGCAGG TGCTTTTGTG 240
40 CGCGTCCAGC CAGACCAGCA GCATCGTGGA GTGCTGGTCC CTGCGCAAGG AGGGACTCCC 300
CGTGAACAAC ATCTTCCAGC AGATCTCCCC CGTGTTGGC GACAAACAGC CCACAATTCT 360
CAAAATGGCGG ATCCTATCGG CCACCAACGA TCTGGACCGT GTGTCGGCCG TGGCGCTGCC 420
CAAGCTGCCC ATCTCGCTCA CCAACACCGA CCTCAAGGTG GCCAGCGACA CACAGTTCTA 480
CCCTGGCCTC GGGCTGGCCC TGGCCTTCCA CGACGGCAGC GTCCACATCG TGCACCGGCT 540
45 CTCATGCGAG ACCATGGCCG TCTTCTACAG CTCCGCGGCC CCGAGGCCTG TGGATGAGCC 600
GGCCATGAAG CGCCCCGCA CCGCGGGCCC CGCCGTCCAC TTAAAGGCTA TGCAGCTATC 660
GTGGACGTCA CTGGCCCTGG TGGGGATTGA CAGCCACGGG AAGCTGAGCG TGCTCCGCCT 720
CTCACCTTCC ATGGGCCACC CGCTGGAGGT GGGGCTGGCG CTGCGGCACC TGCTCTTCCT 780
GCTGGAGTAC TGCATGGTGA CCGGCTACGA CTGGTGGGAC ATCCTGCTGC ACGTGCAGCC 840
50 CAGTATGGTA CAGAGCCTGG TGGAGAAGCT GCACGAGGAG TACACGCGCC AGACCGCTGC 900
CCTGCAGCAG GTCCTCTCCA CCCGGATCCT GGCCATGAAG GCCTCGCTCT GCAAGCTGTC 960
GCCCTGCACG GTGACCCGCG TGTGCGACTA CCACACCAAG CTCTTCTCTA TCGCCATCAG1020
CTCCACCTG AAGTCGCTGC TGCGCCCCCA CTTTCTCAAC ACGCCTGACA AGAGCCCCGG1080


```

CGACCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140
CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200
CTTGCACTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260
CCTGCTGAGG CCGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGGCA TGCTTCGGGA1320
5 ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATAC1380
GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440
GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500
CTGCCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560
CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGTCTG CAGTTTGGCC GGGCGCCCAC1620
10 GCTGCCTGGC AGTGCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680
CAAGATCGAG CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGAGG AATGCAAGGC1740
CTGCACCTAG TGGCGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCC AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800
GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAAC TG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860
CCTCAGCTAC CCCTGAGCCC AGCTGCCCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920
15 CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980
CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCGCG ACGCCTGCGT GACCAGCAGA2040
GCTTCTGAGG AAGCCCCCTG CTTTGTCCAG CTGGGCCCCG AGTCCACACA CCACTCTCCC2100
AGGACCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACG GCCGGGGGTC2160
CAGGCGGACC TTGTGGTGAC CCGGCTCGGG CGTCTCCTCG GTTTCCTTGC CTCACCCGCG2220
20 GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280
CGCCCAAGAA AAAAAAAAAA AAAAAAGGG G 2311

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

```

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCTTCCCC AGCCTCGGCC GGGCTTCCCC GGAGCCGGGC 120
50 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGCGGAGAC 360

```

CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCTTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
5 GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
10 TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTGTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTCCA GCCTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
15 ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320
TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTCACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAACA AAAGCAAAT TATATACTAA AATCATTTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTTT1440
CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
20 GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TTAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

TCTGTATCTT CCTTGCCCTC AAATACCCTG AGGTGATAAA CTGTTCCAGT TGTAGCCAAC 60
TACCACTGCG CCCGGCCTTA AATAAAATAT TGTAATGATT AATGGTGTGT TTGAATTGAA 120
GAGATACCAG GAGATAGAGG TGAAGTGCAG TACTTTTATT CTTTAAGAAT ATAGTCTTTA 180

GCCAGGTGCA GTGGTGTGTG CCTGTAGTCT CAGCTATTTG AGAGGCTGAG GTGAGAGGAT 240
CACTTGAGTT CAGGAGTTCA AGACCAGCCT GGGCAACATA GCAAGTCCCT GGCTCAAAAA 300
AAAAAAGTT TCCCATTTCAT ATTAAGTCCA TCTTTTAAAA ATGTCATGAT TACAAAGTGA 360
AAAGATTTGG CTTTCTTAGA GGCTCAATCA CAGAGGTGAA AGTGACCTTG GAAATCATAT 420
5 ACTCTATCCC CATGTTACAC AGATTAGAAA AACTGAGGTT ATGGCACTGA CTTAGGCACC 480
CCCCAGCAAG GCAACCCAGG GACTACAACCT GGCAATCCCA ACTCCTGGGC TAGGGCTTTG 540
TCTACCTTTT TTTGCATTGG CCTCTTAAAG AGGCAATGAA TACTAATTCC TGGCATCAGA 600
AAAAAAAAA GGCATGAGGT GGGAGGATTC TTTTTCCTT GATGGGAAAC AGTGAATAAG 660
AAAAATCTCA TCATTCGATG GAAGAGGTGA CTTAATAATT TTATTAATGA ATTTGATGTC 720
10 CCATGTTTTG TAGTTTTGTT ATCATTGAAC CATTGGGGCT GGAATCTGCC TAAATAATT 780
TATCTTGGTA GCCAGCAATT ATGTTGGTAT TTTATGTGGG CCTTCCGAGA TTTTCATATT 840
AATGAAATGA CTAATAGTCG TACTTAAGAG GTAACCTCTAC TAAAGCAGAA TGAGATCTAA 900
TATGTTGTGG AAATAAAGA GTTTGCAGTG GAATGATACT CTCACTCCGT GCTTGTAATA 960
TTGAGTTCTA TTCAAGACGG AACTGCTATG ACTGGCCTAT TCAAGGCTTC ATATTTTAT 1020
15 ACAGACTATT TCACAGACCA TAGATTTATT TTAAGAGGGA AAATCTCACA CATAATTAAG 1080
CAGTGGAAAA TGTGCTCAAT GCTATGGTGC GTCAGGCCCT CTGTCTACCA GGTTCCTCCC 1140
GCTTCTGCA GAGCTGTGGA CCCTGTACGT ACCAAACAGG TGAACCTGGT CCATCTTCCC 1200
TTCTTCCTTT TTTTGCACAT TTGCATTTAT ATCTTCCTGT ACTAAAAGAA ACAAAATTATT 1260
TATAATTGGG GTGACAATAT AAAGGAACAA AAGATGGGGC AATAGTTGCT TCCTAGCTGG 1320
20 AGCTGTAAGT CCATGTTACA GAACTCACT ATTTAAAAAG TTTTAAAAAGA TTTATGAACC 1380
TTGTCCTACA ATTCGCTGAA TACTTATTTG TCTTTTAAAC TCCCCTCGGT GTATGGATCA 1440
TCTTCGTCAG AATGCCGTTG TTTCATTGTG AATCAGGGGA AAATGTAAAT CATTTGGAGA 1500
CTGTTTTCTT ATTACCAAAT GTACAATCCA TAAGACAACCT GAAAGCAACA ACTGCTGGGT 1560
TCACTGACAA AGATTATAAA AATCATCAGC TTCAAAGTAG AGTTTTTAGC CAAGGTCAAG 1620
25 AACTAACCTG GGGCTGAGTC AGCGTCTCTA CCCACTTAAA TAACAGCGTA AAGATCTTTC 1680
ACTAAATTCTG TTATGTGGTC TGTCTGGATG TAAACCTATA TATTTCTTTT TGAAACAGAA 1740
TCATATCCTG CAGACTCTTG GCACTCCTGC ATAGCTTTGA CCGAATGTTC ACTCTCATCG 1800
TAATGGAAGA TTTCTATCTA TGCAGATAAT ACATGTTTTT AAATACTGTT TTCTGTTTAG 1860
TCCTCAATCT TCCTAACTCA AATTGGGGAC TGAGGAGAGA GAAAGGTGGT TACCCCTGTT 1920
30 ACCGTGCCAT ATTCTTCTTG CTGCTTTTCA ACCCCACGTG ATTGTTGATT GACGGTTCTG 1980
CTATAATGTG CGTGCCCTTC AAGTTTCAGA AAACCTTCCC AATCATTTCA CTTCAATCTT 2040
AATTGAACCC AAGAGTCAAA GTTATTATTT TCTCCGAACG TGTTTGTGAT CTTCTGTTAT 2100
ATTTTGGGGC ATGTTACCTT TATGGTATAT AAGCTGTAGT GCATACTCTT TGTATTGCAA 2160
AAAACCTGGT AGTAATTTAT GTACATGTAT TCCACATTTT AGTGTGCTTG AAGTGACAAT 2220
35 CCATAGTTTG TAGTAGTTTG TTATTTGTCA ACTTTACCCT GTGTTTTAAG GACATCTAAA 2280
CATTCCTTGT CCTATCAAGA TGACAAAAGC AGAATGTAAT TTTTTTTTGG AAGCTTCGTG 2340
ATTACCTGTA ACAAGTTCTG TTTTAAAAAC GAATACAAAT AAAGTTAGTA ACTATTTTAA 2400
AATCAAAAA

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2594 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

```
10 CGCCCTTTTT TTCTTTATTT TCTTATGTAC TCATCTACTT ATTCTCAAAG TATTTAGCAT 60
   TCAACACTCT TTTTGCTTTA AAAAGAATGG CCTTACAAAG GGACAGAAAA GAGAAGACAC 120
   GAGCTTGGTG TATTTTCATC AAGTTATGTG GCAGAGAAAT CCAGATATTA CCAGGACCTG 180
   TCTAAACAAA TGTTGTGGGT TTTCTTTTCA TTCGGATAGC CACTTTATAG TTGGAATATC 240
   AATTCTAATG AGGAGGAAGA CATAAATATA AGTGGTAAAA AGAAACATGA CTCCCTTAA 300
15 AACAGGCTGG ATAATCTATA TCAGCCTTGT GGGTGGAGAC TAGTATTTGA TCCTTGCCAT 360
   ATAAAACATT TTAATATGGT TTACATGGGA AAATATCGAT GGCTTCCTCA CAAAATGTAT 420
   GGGTGACGTG AAGTTGAAGA GCCAATGGCT TGGGTGACAC GTGCTGGATC CAAAAAGATC 480
   AGGGAGACTA GAATAAACT TGGATGTTAA AAATTCACCA GGAATCCACA TAAAGTACTA 540
   TATTTGGGCT AAAATGAAAA ACTAAATACA AGGTGGGAGA GAGGCAAGAA TTTCAGTTGA 600
20 CTAAGCTCAG TGTGAGTTCA AAGTGGGATG GAACCATGCA AAAACAAAAC CCACAGACAT 660
   GCAGGCTACG TGAGGAGAAA ACAGTGGTGA GGATCACATC ACATTGTGTT TGCATTTGCC 720
   GGAACCATAC TTTAAGAAGA AAACCGATCA TCTATAATAA CATCAGTTTA TCAATGCCCC 780
   GTCCTGATGA AGTGTGCAGA CTCTCAGAAA CAGCAGGAAG GACTTCATGA GAACCCCTCAG 840
   GCTGGAGAAG GGACTAGGGC ACAAGGAGAG CTCTCCTAGG ACCAGGACCA AGAAGCTACA 900
25 GGCAGGCACA GTTTAGCTCC TGCAGAGACC CAGCTTTTCA CAAGTTGGAG CCTTCCAGAG 960
   ATAGAGGGAC TGTGGTAGGT GGTGACCCAC CCATCACTGG AGGTGGAAGC AGAGGCCGTT1020
   TGCCAGGGAT GCTGGAGAGG GGATTCAAGC ATCTGGCTGG GCAACGTGAT GCTCAGGGCC1080
   GTCTCCACTC AGGGCTTAGG GGAGTCTGTG AGTAGAAGAG CTTTAGGTGA TTTGTTTGGT1140
   GGGGGAAGGC AAGTACACAG CTATGCACTT TCCGTTTCTG ACTTTTGCCA CCCTGTCAGC1200
30 CATGGGGAGC CCACTGTGGG ACTGAAACCC TGAGCTGAAT GCGGCCTCAT GTCTCAGAGA1260
   AACACTGGCA AGTTGGTCAG AGCCGCCGTC TGCATCGAGG CGTACTGAGC GGCAGGATGG1320
   GGGGCTGCC'T GCCCAGGGTC TCTCACCGTG GTGTAAAGCAG AGCCATGGCT TGCCTAGGAC1380
   CCTATAGATA CCATCACTCT TTCTCAGCTC GACTGGAGTT TCTGCACCTT TGCAGGGGCA1440
   AAGTAACCTC CTGCACCCTG AACCACCCCC CATTCCTGTT CATTTTCAGCA GATAATGATG1500
35 GAGGGGGGGG GGTGTCCATC GTGCTGAGGG TGTGACCGCA AGAGGGTGAA AACTTCCAGC1560
   CAACTTTTCT AGTCCTTTCT CTTGCGAGAG GGAAGCCACC TGCTATACAA ACTAATACCC1620
   CCTGCCTTGA CCCCTTCCCC ACGACTCAGT TGACAGAAGG ATATACTTTG TTATAACTTA1680
   TTATTTTGTG CTCTGTAAAT ACAAGATGTT TATAGGAAAT ATGTATTCTG AACTCTATCT1740
   GCAGAAATGAG TCACTACACC AAAATAGTTC TATTATTTAG AATGTGTTAA TTTTAAAGGG1800
40 ACCTGATAGG TATTTATTTA CATATGCGAT CCACATTTGT GTGAAAGCAT GTGATCATAC1860
   TAACCCAGCC TCCTGGAATG TCGCTGTACG ATGATTGATG TCTTTTTCTC AGTCCATAGT1920
   TACAATTGTT TAGTATGCTA ATCAGTCCAG TTCCCTGAGG TTTAAGATCA AATATAAATT1980
   ACTCTGCTTT TCGACTCATT CAGGTAGCAT TGTACCTGAA CCTGATTGCT ACTTTTTCAT2040
   CTTAAATATT ATATTTCCCT ATCTAATCTG CCTTCCCCTC ATCCACAGAC ATTTGGAGAA2100
45 GGAAATGGGA GGGTGTCTGT TATCCCTTTC TCTTTGCTTT GTCCCCGTTG TTAGACTGGC2160
   AGCGTCAGTT GCTCGGTGGG CTTGGTTAGA GCCGTGGGTG AGGCAGGTGG CTGGCGGGGA2220
   CAGGGAGAGG CTGAGAGGGA AGTGGTGGCA TTTACTGCTC TGACACTTCC ACTGTCCCTG2280
   CTGGGGATGC TGGGGCCAAG GCCTGTGGGG CCTGTGAACT GCACAGCCAG GAGCAAGGAA2340
   CCCACTAAAT ACTCCGTCAC CTCCATGTCC CCTCTACAGT GTTAAATTAT TACATAAGCA2400
50 GGTGAAAGGT AGAAGGCGAA TTATGTGAGT AAATATGGTC TGTTTTCTCT TCAGCAAAAA2460
   TGACTATTTT TGTGTGTGAC TAATTTATTT TTATTATTGT AAAGATACAA TAAACCGGTT2520
   GAAATATCTG CTTTGTGAC AAGCGTGTGC TTTCTATGGC NTTATTNGCG TTCTGTTNTC2580
   CTGNAAATAG CGCC 2594
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1012 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:

```
25 TGAAGTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC 60
TCAAAAAATA AATAAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG 120
CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC 180
CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA 240
TGCCTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC 300
AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCCTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA 360
30 CTCCGTCTCA AAAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA 420
GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAAA ATAATTATTG 480
AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA 540
TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA 600
AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA 660
35 ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTGT 720
TGTTGCAATA GTAAGTTTAG TCTTCTTATA ATATTCTAA ATGAAAAATC ATAGGTATTT 780
GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTAAA AGCAAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG 840
TTAATTACTG ATTTTATATG TTTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG 900
GTCTGTTGTT AATCTTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT 960
40 TTTTATTAAT GAATAAATAG AAAACGTTAG TAACAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1012
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 1206 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

15

```
TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC 60
TGCAAGCTCC GCCTCCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCA AGTAGCTGGG 120
ACCACAAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT 180
TCACCGTTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT 240
20 CCCAAAGTGC TGGGATTACA GCGGTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTAAACAC 300
CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG 360
CTAAAGTATT CTCTTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN 420
TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC 480
TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACTTA ACAATTATAC AGACTTTGCT 540
25 TTTAGAAATA GATTAGGTTT CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA 600
TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG 660
GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNNGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG 720
CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT 780
ATCATTTTTT TTTTCTTNAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT 840
30 GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACACCAG 900
GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA ACACTCCTGT TTCTCCTTTC 960
TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTGNCCTTC GTACCTCCTG1020
GATTATTAT TTTTCTCAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG1080
TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT1140
35 GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA1200
AAAACA 1206
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

10
AAGGTGAAGA GCGGCATCCG GCAGATCCGG CTCTTCAGTC AGGATGAGTG CTCCAAGATC 60
GAGGCCCGCA TCGATGAGGT GGTGTCCCGC GCCGAGAAGG GCCTGTACAA CGAGCACACG 120
GTGGACCGGG CCCCCCTGCG CAACAAGTAC TTCTTCGGCG AGGGCTACAC GTACGGGGCC 180
CAGCTGCAGA AGCGCGGGCC GGGCCAGGAG CGCCTCTTAC CCGCCGGGCG ACGTCGACGA 240
15 GATCCCGGAC TGGGTGCATC AGCTGGTGAT CCAGAAGCTG GTGGAGCACC GCGTCATCCC 300
CGAGGGCTTC GTCAACAGCG CGGTCATCAA CGACTACCAG CCCGGCGGCT GCATCGTGTC 360
CCACGTGGAC CCCATCCACA TCTTCGAGCG CCCCATCGTG TCCGTGTCCT TCTTTAGCGA 420
CTCTGCGCTG TGCTTCGGCT GCAAGTTCCA GTTCAAGCCT ATTCGGGTGT CGGAACCAGT 480
GCTTTCCCTG CCGGTGCGCA GGGGAAGCGT GACTGTGCTC AGTGGATATG CTGCTGATGA 540
20 AATCACTCAC TGCATACGGC CTCAGGACAT CAAGGAGCGC CGAGCAGTCA TCATCCTCAG 600
GAAGACAAGA TTAGATGCAC CCCGGTTGGA AACAAAGTCC CTGAGCAGCT CCGTGTACC 660
ACCCAGCTAT GCTTCAGATC GCCTGTCAGG AACCAACAGG GACCCTGCTC TGAAACCCAA 720
GCGGTCCCAC CGCAAGGCAG ACCCTGATGC TGCCACAGG CCACGGATCC TGGAGATGGA 780
CAAGGAAGAG AACCGGCGCT CCGTGCTGCT GCCCACACAC CGGCGGAGGG GTAGCTTCAG 840
25 CTCTGAGAAC TACTGGCGCA AGTCATACGA GTCCTCAGAG GACTGCTCTG AGGCAGCAGG 900
CAGCCCTGCC CGAAAGGTGA AGATGCGGCG GCACTGAGTC TACCCGCCCG CCTCCTGGGA 960
ACTCTGGCTC ATCCTTACGT AGTTGCCCT CTTTTGTTT TGAGGGTTTT GTTTTTGTTC1020
ATTGGGGGGT TTTTGTTCCT TGTTTTTTGT TTTTTTTGAT TCTATATATT TTTCTTGGT1080
TTTGTTGCCT GTTAAGGCTG AAGAATAGAA TTGGCCAGGA CTAGGTTCT CATATCTTG1140
30 GTATTCCTCC TGGATGGAAA GGCTGTTGGC ATCAATAGGG GACAGAGGCT GATGCTGGAG1200
TGGCCAGTAG AGGTGGTGGG GCAGAGCAGC CATCTTTTAA GTGGGGCTGT ATCAGGCTGG1260
GTTTATTTAA AAGCAACAAA ATGTTTTGGT TAAGAAAATT ATTTTGCTTT CAGTGTAAT1320
CTTCGCAGTG TTCTAAACAA AGTTCAGTCT TCTGCTCGCC CCTTCCCTC ACTGATGTCT1380
GCACCTGGTT GAGGTCTCCT GGAGCCTCAC AGGCTCTGCT GTTCTCCACT TCTCACCTGC1440
35 CATCCACGCC CTGCAAGCTC ATGCAAAACAC CCTTCTTCC TCCTGCGGCA GAGTGTTCAT1500
GGTTGCCTGG GCAGGGGCTT AAACAGTGCC AGCCCTGCGC ATCCCAAAGC TATTGTTAAG1560
CCCCCAGGC GTCCTCCACC CACGCCCCACT AGCCTGCCAT GTCCACAGTT CCTTGGGCTG1620
CTGAGGGGCT AGTGCAGTGG TCCTGACCTC TCTTATCAAG AGCACACTTC TTTGCTGGTT1680
GCTCCTTTTG AGCATATGCG TGTGATTATT TGGAACAGTT AGACTTGCCA CGTTGGGTCA1740
40 GTTTTAGAAA TTGTTTCTAG CTAGAGGGAC TGGTGTCTT CCAAGTCTAG CATTTGGGGT1800
ATGGAATAATT GTTGTGGTGT GTGGTAGGGT TTTTGTTCCT TTTTTTGAGT TTTTTTTCCC1860
CCTTTAGTCT CCTGGCTTTT TCCTTTCCCT TCCCTTCTCC ACTGGCCAGC TTGGGCCTCA1920
TCCTCATGTC ATCCTTCTAG GAAGGCGCCT GCCCATCTT GTCTGCCGCG AGCATGCATC1980
CAAGGCCAGA GCTCAGGCCT GCAGACTGGG CTGGTGCCTC CTCCGCTTCA GGGTATGGGA2040
45 GTTGGTGAAG GGGCTTTCAA AAAATAATAA GAAAAAAAAG GTAAAGTCTT TGGTAGCTTC2100
TATCCACTCA GATCCTGGAA GGCAGCAAGG TTTTGTGGAT CTAGATTCAT TAGGAATGTC2160
TTCTTGTCAG CCAGGCCAGG ACCCGGGCTT GCCAAGAGCA GAGGCCCTCC CAGCAACCAG2220
GATACCACCA CTTTGGGGGC TTTGTGTACA GAGGTCCGGG TCTGAGACCT CATAGGCTGC2280
AGAAATCTGG GGCAGCCACC ATCAAGAAGC CCCTCTCAGG GGCCAGAACT CCTTTGCCAG2340
50 CGTGGATTTC TCAAGTCGGG ACTGCATAAT TAAAGCAGTT GCAGTTTTAT TTTTTTACA2400
GCTTTTTTCC CAAAAATGAT TTGTAGTTGT GTGTGCAGCA CTTCGCCCTG ATATGTGTGC2460
TCTACAATAA AAACCAAATC TAATATATTT TGAAAAAAA AAAAAAAA AAAA 2514

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:3903 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGC GGCCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC 60
CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG 120
25 CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG 180
TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAAGC CCCCTCTGCC TGTGTATACT 240
CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG 300
GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAAGCAAA TATTCAATTT 360
GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTTT TGAACGAGAC 420
30 CAATCTGTTG GAGACCCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT 480
GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACCTTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC 540
TATCAGCAGA AGCTCTTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT 600
GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTTTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATTT TGGCCTATTC 660
TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGAGAC TATGTTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC 720
35 CTTAACTTTA CAAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA 780
GACAAGTGCA ATATGATTAA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA 840
GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAGGT CAGTGTATAT TACTTTTCAGT 900
GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCTGCC TTTCCGGTATA AAGTTCCTGC AGAAATATTA 960
GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA1020
40 GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTTT CCCACACTTT1080
TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTTCTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC1140
CATGAGACAT TTGTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAAGC AGCCAAGAGG1200
TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA1260
ACCATGGTTT TCCCAGTGAT GTACCTCAAT GAGAGTGTTT ACATTGATAA AGAGACGGCG1320
45 AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC1380
ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTTGTTT TTTACCTGGC TTGCATGCAA AGGACAGGA1440
TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTCGAACCTA AACATTGCCT1500
TTGCTTGGTG AAGAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT1560
CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT1620
50 GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTTT1680
ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAACC1740
CTTGATAGT AAAAAAAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTTTG TGACCACTAT1800
TGTGGGTAAG ATGTCTCTGC ATCACTTGTT AATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAGTATG1860
CTTCATTAC CGAACTTTGT GCTCAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCTCTCC1920

ATTTCACTTG CAAAACAGAA GTAAATAAGA GTTCGGGACC CAGGGTAAAA TGGTAGCTTC1980
 ATCCAATATA TCATTCAAAT GCATCTGATT TCTAAAACAT ATTACATTTT ATGCTGATCT2040
 TCAGTTCATA ATTCTTCCAG GAAAACTCAG TCTTCCAACT GCAATAAAAT ACTGGGTAGA2100
 ATCAAATGGG AAAGGGGTTG GGTGGGGCAA TACCCATGAG TTGATAGTGA TAAGCTCCTA2160
 5 AGGATTTTTTA ACTTGTA CTGTTGTAACGA AGAGAATGCA TAAATAATGT TGGTGAGGAT2220
 AAAGTACAGA TATTTTCATGT AGAATTAATT GCTAGTTATG ATGCTTGTGG ATAGTTAACT2280
 GTTTTTTTTT TAGTCAAAAT GATCATGCTA CGAAAAGATG CTTCTGAGAG AATGTAATGA2340
 GTAACGTGATT TTTCTTCCTG AGTCGCCCTT GCCAAATATG TTAGTGTATT AATTAATCTA2400
 ATATTGAGTG ATTATTTGTA AAATTATGAA TATGGGAAAT CCATCTATCT ACAGCCTAAG2460
 10 TTACACATAA GTTTCAGAAA GTCTGATTAG ACTAAAGAGA TATTTCTTCT GGGACAGCCT2520
 TCTTCTTGGT AATTTTGAAG TTCTTTTTTAC AAGTTCCTTC CTCAGTTTCA GTTCTTTCCA2580
 GTGTTTTGTA GCTCACTGTC ACTCACTGAA TAGAGAAACG TGTGCCCTAT ACTTCTGTG2640
 ACAATCATTT TGCTGACAGA ATGATGGATG TTTAAAATAT TGCACAAAGT ACTTTAAAGA2700
 AAGGTCTGTT AGGACCAGAA GCAGAGACAC CACTTTTCAA AGGACTTCTT GGTTTCAGCA2760
 15 TAACCTAAGA CAGGGAATTG GGAGCCATCA TATGTCACAG TGTTCAGAAT TCAAGCATAT2820
 TTAAGGGCAT TTTCTTTGAT TCTCAAAGTT CAGCATTCTT TTTGAATTGA GAAGCCTATA2880
 CATTTAGCTG ACAAAGTGCT TATAGAATTT CTTAACAACCT GAACCATTCA AAAGGATTTT2940
 TTTTGTTTTAA AACTGGATTT CAATGTAAGC AAATGAAGAA AAAATATAGA TTTTATTTCC3000
 ATAGCTTCTT ATCCCTGTAT TGAGGTAATA AATTGTTTTA CTGACAATTT TTCCTTTTTC3060
 20 TACACTAAAA CAATATGTGA TATATTTCCC CTCTTGAAGA GGCAATTCAT TAACTCTCA3120
 AATTTTCTAT AGAATCAAGA TAGAACCTTT AGATACTCCA ACTCACCAAA ATGTAAAAAA3180
 ACTAACAAAA ATATTTGGTC TTCAATAATG CTAAATATCT ACATTTTATAG AATTTATCAA3240
 CATTTAACTA GATAATTGGG CATGTCTTAA TTATGCATGT ACTTATCCAT ACTAATAAAA3300
 TTGACAATGC TAGTGCATAC TTATTGGTTT AGTCCTATTA TCAGGATATA ATCATCTGTG3360
 25 AGGAGGATAT TTAAATACT GTAAATGATA ACAGTTAATG ATATACACAT TTAGACTGAG3420
 TTGCACACTG GCAGGGAGAC CAAAAACATT ACTTCCATAC TTGTGTCATG ATTCTTTTTT3480
 TTTTGAGAGA GTCTCACTCT GTCGCCAGGC TGGGAGTACA GTGGCATGAT CTCGGCTCAC3540
 TGCAACCTCT GCCACCCAG GTCCAAGTGA TTCTTCTGCC TCAGTCTCCC GAGTAGCTGG3600
 GACTACAGGC ACCCACGAGC ATGCCTGGCT AATTTATGTA TTTTATAGTAG AGACGGGGTT3660
 30 TCACCATGTT GGCCAAGCTG GTCTCAAACCT CCTGACCTCA AGTGATCCAC CCACCTCAGC3720
 CTGTCGAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG CCACTGCGCC CACCTTCTAT TTTTATCTTC3780
 TTTTAAAGGA ATTAATTATT TGAATATGGC AAACATCCAC ATGGGGCCTA AAGTCAAATA3840
 ATGTAAAGCG ATACATTAAA AGGGCTTTAC TTCCACCTC TTTAGGTCTT AATTCAGTCA3900
 GTT 3903

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1730 Basenpaare
 40 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 45 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

```
GCATTTCTGC CATCGCCAC CGTGGCGGCA CAAGCGGCAG CCCGAGAACA CGCTGGCGGC 60
CATTCGGCAG CTAAGAATGG AGCAACAGGC GTGGAGTTGG ACATTGAGTT TACTTCGGAC 120
GGGATTCCCTG TCTTAATGCA CGATAACACA GTAGATAGGA CGACTGATGG GACTGGGCGA 180
10 TTGTGTGATT TGACATTGA ACAAATTAGG AAGCTGAATC CTGCAGCAAA CCACAGACTC 240
AGGAATGATT TCCCTGATGA AAAGATCCCT ACCCTAAGGG AAGCTGTTGC AGAGTGCCTA 300
AACCATAACC TCACAATCTT CTTTGATGTC AAAGGCCATG CACACAAGGC TACTGAGGCT 360
CTAAAGAAAA TGTATATGGA ATTCCTCAA CTGTATAATA ATAGTGTGGT CTGTTCTTTC 420
TTGCCAGAAG TTATCTACAA GATGAGACAA ACAGATCGGG ATGTAATAAC AGCATTAAC 480
15 CACAGACCTT GGAGCCTAAG CCATACAGGA GATGGGAAAC CACGCTATGA TACTTCTGG 540
AAACATTTTA TATTTGTTAT GATGGACATT TTGCTCGATT GGAGCATGCA TAATATCTTG 600
TGGTACCTGT GTGGAATTTT AGCTTTCCTC ATGCAAAAGG ATTTTGTATC CCCGGCCTAC 660
TTGAAGAAGT GGTGAGCTAA AGGAATCCAG GTTGTTGGTT GGACTGTAA TACCTTTGAT 720
GAAAAGAGTT ACTACGAATC CCATCTGGT TCCAGCTATA TCACTGACAG CATGGTAGAA 780
20 GACTGCGAAC CTCACCTCTA GACTTTCACG GTGGGACGAA ACGGGTTCAG AAAGTGCAG 840
GGGCCTCATA CAGGGATATC AAAATACCCT TTGTGCTAGC CCAGGCCCTG GGGGAATCAGG 900
TGACTCACAC AAATGCAATA GTTGGTCACT GCATTTTAC CTGAACCAAA GCTAAACCCG 960
GTGTTGCCAC CATGCACCAT GGCATGCCAG AGTTCAACAC TGTGCTCTT GAAAATCTGG1020
GTCTGAAAAA ACGCACAAGA GCCCCTGCC TGCCTAGCT GAGGCACACA GGGAGACCA1080
25 GTGAGGATAA GCACAGATTG AATTGTACAA TTTGCAGATG CAGATGTAAA TGCATGGGAC1140
ATGCATGATA ACTCAGAGTT GACATTTTAA AACTTGCCAC ACTTATTTCA AATATTTGTA1200
CTCAGCTATG TTAACATGTA CTGTAGACAT CAACTTGTG GCCATACTAA TAAAATTATT1260
AAAAGGAGCA CTAAAGGAAA ACTGTGTGCC AAGCATCATA TCCTAAGGCA TACGGAATTT1320
GGGGAAGCCA CCATGCAATC CAGTGAGGCT TCAGTGACA GCAACCAAAA TGGTAGGGAG1380
30 GTCTTGAAGC CAATGAGGGA TTTATAGCAT CTTGAATAGA GAGCTGCAAA CCACCAGGGG1440
GCAGAGTTGC ACTTTTCCAG GCTTTTTAGG AAGCTCTGCA ACAGATGTGA TCTGATCATA1500
GGCAATTAGA ACTGGAAGAA ACTTCCAAA AGATCTAGGG GTATGCTCAT GGTGCAAAGT1560
GGGGGAAC TAACCTTAGG GGAGAAGAGG GGGTGACCCG CAAAAGAGAC GAGATTAGAG1620
GGAACGAGAG GGGGAAGCCG GAGAGTCCAG GAAATAAGGA GGTGAAGAAA GAAGGTTGTT1680
35 TAAGGCGAGC TGGGGAAGTT GGAAGCCGA AACTTGAAAG GAGGATAAAA 1730
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 3439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

```

CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60
GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120
10 GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180
GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
AACCTGTGTT ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAATATTCA AAATCGTAAT 300
CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420
15 CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480
GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCTGTCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540
TGTGTTCTCT CTAGTAGTGG TTCCAGAAGT GGTTCAATGT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
CAATAGATGG ACAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
ACTGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
20 GTATTTTCTT TATTTTTTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTTCTG AGGAAAAAAT 840
AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAAATGT CTCATTTACA GTATAAACT CAAAGGTAGA 900
TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCTCAC CATTGGGTAT 960
CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCAGT CTTTCATCATT 1020
25 TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT 1080
AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA 1140
AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT 1200
CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCACTC 1260
ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTAGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC 1320
30 TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT 1380
ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAaaaaaT AAAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT 1440
GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG 1500
CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGTCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCT 1560
AATTATAACA AATTTTTCTT CATTGGCCTG TTTTAAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA 1620
35 AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCAC TCCCCTTTCC CCATCTCTTC 1680
TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC 1740
CCTCCAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG 1800
AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCCCTAACT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT 1860
TAAACATCGG TCAGATGAGT CATAATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACACAAAA 1920
40 TATTTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAAAT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA 1980
ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAAATGC 2040
GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTGTAT ACCAATAATT AAGCCACTAC 2100
TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAACT ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT 2160
ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG 2220
45 AAAACTGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA 2280
CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATTT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAATGAAG 2340
TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA 2400
TTCTCGTCTT CTTTACCTT TAATCCCTTA ATACCTAGTC TACTTTTTTA ATTTTCAGAC 2460
TTCACGTCTT TTTGAATTCA TAATTCTAAT TTTACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT 2520
50 CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTG CTGAGGTTTT 2580
GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGCTTTG AGAATGTTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA 2640
TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTTGAAA TTAGACCTTA TAATTAACT 2700
ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTCTAG 2760
ATTTCTTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG 2820
55 ATGAGGCTGC AGGATTTTTG GAAAACTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAATT 2880
AGCTACATAG GGACTTGCTT TTTTCTTTT TTACATACAG CTTTTCCTAC AGTTTTATTA 2940
CCCTGTAATT TTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT 3000

```

GTCTTTGTTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACTTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTTT3060
TTTCTTGAAA AAGCCTTTCT ATTTATCAGT ATTAAATAAA GGAAGTTAAT CTGTTTCTCT3120
GCAGGTAATA AAATAGTGAC ACACTGTATT AAGATAGTGA CTGCTATACT CAACTCTGGA3180
AGAGACTAGA GTATAGAGCA TGAGTGGCAA AACCACAGCC CTGGGGCCAT ATGCTGCTAT3240
5 TCAGTCCCAG ATGTAGCCCC TGAAGCAAGC ATAAAGAAAA ATGAATTAAA AATTAAATTA3300
ATATGGAAAG TTAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGAT3360
CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTTG TAAAATAAAT GACTTAAATT3420
TAAACATCA AAAAAAAAAA 3439

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFLL AGAGGAGAGA APGPHLPPRG SVPGDPVRIH 60
30 CNITESYP AV PPIWSVESDD PNLA AVLRL VDIKKGNTLL LQHLKRIISD LCKLYNLPQH 120
PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEPAEGK KSEDDGIGKE 180
NLAILEKIKK NQRQDYLN GA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKG GNYA VELVND SLYD 240
WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPPFVRV SPVLSGGYVL 300
GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQSYKSL 360
35 VQIHEKNGWY TPPKEDG* 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:

AVGSAALFKD GGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL 120
5 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL 180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSIVI 240
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK * 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

10

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAELGQR NDVDVALLA HGLHLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV 120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL 180
30 ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS 240
ILLV* 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

35

- (A) LÄNGE: 294 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

50

MLAARLVCLR TLPSRVFHPA FTKASPVVKN SITKNQWLLT PSREYATKTR IGIRRGRTGQ 60

ELKEAALEPS MEKIFKIDQM GRWVFAGGAA VGLGALCYYG LGLSNEIGAI EKAVIWPQYV 120
KDRIHSTYMY LAGSIGLTAL SAIAISRTPV LMNFMMRGSW VTIGVTFAAM VGAGMLVRSI 180
PYDQSPGPKH LAWLLHSGVM GAVVAPLTIL GGPLLIRAAW YTAGIVGGLS TVAMCAPSEK 240
FLNMGAPLGV GLGLVFVSSL GSMFLPPTTR GWCHSLLSGN VRWISSFQHV PSV* 294

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

25

MERELNHEKE RCDQLQAEQK GLTEVTQSLK MENEEFKKRF SDATSKAHQL EEDIVSVTHK 60
AIEKETELDS LKDKLKKAQH EREQLEQCLK TEKDEKELYK VHLKNTIEIN TKLMSEVQTL 120
KNLDGNKESV ITHFKEEIGR LQLCLAEKEN LQRTFLLTTS SKEDTCFLKE QLRKAEEQVQ 180
ATRQEVVFLA KELS DAVNVR DRTMADLHTA RLENEKVKKQ LADAVAEKLK NAMKKDQDKT 240
DTLEHELRRRE VEDLKLRLQM AADHYKEKFK ECQRLQKQIN KLS DQSANN NVFTKKTGNQ 300
QKVNDASVNT DPATSASTVD VKPSPSAAEA DFDIVTKGQV CEMTKEIADK TEKYNKCKQL 360
30 LQDEKAKCNK YADELAKMEL KWKEQVKIAE NVKLELAEVQ DNYKELKRSL ENPAERKMED 420
GADGAFYPDE IQRPPVRVPS WGLEDNVCS QPARNFSPD GLEDSSEDSKE DENVPTAPDP 480
PSQHLRGHGT GFCFDSSFV HKKCPLCELM FPPNYDQSKF EEHVESHVKV CPMCSEQFPP 540
DYDQQVFERH VQTHFDQNVL NFD* 564

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60
 TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTl NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120
 LTVAVVVTFY DVIILQAFI LTTTVFFGLT VYTLQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL 180
 5 KFFFYSEIME LVLAAGALL FCGFIIDYTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL 240
 RFLEAVNKK* 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:

25 RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
 TWGNMGRKRG GEEGRRLGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFQ GRPLIHPVEI 120
 LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V* 152

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
 YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGCLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE 120
 50 SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLSFWAV * 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:

20	GRPGQSPAGA	EEPGPRDSSA	VITQISKEEA	RGPLRGKGDQ	KSAASQKPRS	RGILHSLFCC	60
	VCRDDGEALP	AHSGAPLLVE	ENGAIKTPV	QYLLPEAKAQ	DSDKICVVID	LDETLVHSSF	120
	KPVNNADFII	PVEIDGVVHQ	VYVLKRPHVD	EFLQRMGELF	ECVLFTASLA	KYADPVADLL	180
	DKWGAFRARL	FRESCVFHRG	NYVKDLSRLG	RDLRRVLILD	NSPASYVFHP	DNAVPPASWF	240
	DNMSDELHD	LLPFFEQLSR	VDDVYSVLRQ	PRPGS*			276

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:

45	MFYLAADVSD	FYVPVSEMPE	HKIQSSGGPL	QITMKMVPKL	LSPLVKDWAP	KAFIISFKLE	60
	TDPAIVINRA	RKALEIYQH	VVVANILESR	QSFVFIIVTKD	SETKLLLSEE	EIEKGVEIEE	120
	KIVDNLQSRH	TAFIGDRN*					139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

15	PYRQGC PGAA	GQAPG APPGS	YYPGLPSGTP	GGPYGGAAPG	GPYQPPPPSS	YGAQQPGLYG	60
	QGGAPPNVDP	EAYSWFQSVD	SDHSGYISMK	ELKQALVNCN	WSSFNDETCL	MMINMFDKTK	120
	SGRIDVYGFS	ALWKFIQQWK	NLFQQYDRDR	SGSISYTELQ	QALSQMGYNL	SPQFTQLLVS	180
	RYCPRSANPA	MQLDRFIQVC	TQLQVLTEAF	REKDTAVQGN	IRLSFEDFVT	MTASRML*	238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

35	TNICLLSGAS	PKVTNGWAQI	NFSFASHRVA	HCGKPELVRT	PVCVFLIHTN	HNKQVCTHLY	60
40	EPHAKTRHSQ	RSVTRVQQRN	SRFDQNRPCC	LLNCQLPLKN	LQKKGHYKNS	*	111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10 FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH 60
RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI* 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 PQTTCVRRRA GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDL L SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP 60
PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP 120
GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD 180
EVTSRTGGFM QTHRHC* 197

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

5 DQLGSGGHFS LHRLEPEQTEE SSLIVAEPST SPSAVSVCLH KPSCPGRDFI LRSHSTGRAG 60
TFCTLALGLA EGLVLPWHQP LPVTSGQRAV WTWALLNATC LPGLQVGRTR TEPQAHTEGA 120
VWLPACPIPM PRPRGCGCCC ACPCDGSLSV QPVSFLPRAE LPFLXESGRR CRLSWLLWGS 180
RGTAITPPGQ * 191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

25 EKMEAFGEA GWEDFFSTQT LTFQSILQMK NADYFSNYVT EDFTTYINRK RKNNCHGNHI 60
EMQAMAEMYN RPVEVYQYST EPINTFHGIH QNEDEPIRVS YHRNIHNSV VNPKNATIGV 120
GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLDCKKRA TDWEATNEAI EEQVARESIL 180
QWLRDQEKQA RQVRGPSQPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSRQGVQ PRHLSTLSCM 240
30 LNWA* 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

35 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

50 GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120

FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT 180
HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGG * 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

5

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL 60
LLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFFT LMEDILHS* 109

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 372 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

45

MSFRKVNIII LVLAVAFLL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQIDF VPNALRHAVD 60
GRQEEIPVVI AASEDRLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS 120
IRYKIVNFDK KLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI 180
LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS 240
FNPGEVFANL TEWKRONITN QLEKWMKLN EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID 300
PMWNVRLGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKQY IPDPTGKFNL 360
IRRYTEISNI K* 372

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE 60
AQGWKDPVAG GG* 73

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
RRAKLRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGTT 120
SPPLYCGPKA PLEVVS 137

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

10 KHATEQEKE EGLGPNVKG I VTMLMLMLLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR 60
NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM 120
SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP 180
QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE 240
15 AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYLK KKTTRKRGY IKNKLVFKKG 300
KKISKKTV* 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

20 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

35 IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH* 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

40 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTYGKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP * 101

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

PRIPVTLNMK MVMPSCQGLD * 21

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60
PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRVV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120
50 EMAAVKEFLE KLLPPV* 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:

20 MWVLKLDNRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV 60
LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L* 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 25 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:

40 ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDV VSGLCITSHW 60
SETPVCQAWI LHCKT* 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 45 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:

GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60
GVRLRTPLWP EHKKRHHWCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

15

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:

VAPFFIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60
LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT KLS 113

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:

5 PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS 60
QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT* 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

10 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:

25 NSFQVVKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHR 60
LIPSPFNS* 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

30 (A) LÄNGE: 594 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:

45 VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC 60
WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL 120
KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMVAFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA 180
VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEV LALRHLLFLL EYCMVTGYDW 240
50 WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH 300
TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPDKSPGD RLTEICTKIT DVDIDKVMIN LKTEEFVLD 360

NTLQALQQLL QWVGDFVLYL LASLPNQGS LRPGHSFLRD GTSLGMLREL MVVIRIWGLL 420
KPSCLPVYTA TSDTQDSMSL LFRLLTKLWI CCRDEGPASE PDEALVDECC LLPSQLLIPS 480
LDWLSPASDGL VSRLQPKQPL RLQFGRAPTL PGSAATLQLD GLARAPGQPK IDHLRRLHLG 540
ACPTTECKAC TRCGCVTMLK SPNRTTAVKQ WEQRWIKNCL CGGLWWRVPL SYP* 594

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:

25

LRGTRHQSP HRFQFLIQRC HCFTAVVLLG DLSMVTQPHL VQALHSSVGQ APRCSLRRWS 60
ILGWPGALAR PSSCRVAALP GSVGARPNC RRGCLGCRR TRPSLAGSQS RLGISSWLGS 120
RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ QIQSLVSRRK SRDMLSWVSE VAVYTGRQLG FRRPQMRMTT 180
INSRSMPEV PSRRKLWPGL SREPWLGRLA SRYSTKSPH CKSCCSACSV FMSSTNSSVL 240
RLIMTISMST SVILVQISVS RSPGLLSGVL RKWGRSSDFR VELMAMRKSL VW* 293

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:

50

TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQQRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPFIKFK ESTVRRRYSD 120
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAFRLRQFLL EEMMEYLMTI LLRKENKGWS SL* 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:

20 NYLGRFQPQW FNDNKTTHKG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF 60
LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP* 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- 25 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:

40 MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL 60
YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- 45 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:

TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR 60
LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNgKCIaVYL PSPTKQIT* 119

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWALEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL* 110

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:

SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF 60
HGQQVIFHNV DFPK* 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:

RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL 60
QPSPLQF 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:

STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDV VSXEYKXWGL LPQXLFXISX 60
EKKNDRXXGX IXXARFXST NXNX* 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:

15 MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPXXQ 60
ALXKIXSWXX LTSLPXX* 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

20 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:

35 RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC 60
RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNSAVINDY QPGGCIVSHV 120
DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT 180
HCIRPQDIKE RRAVILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNN RDPALPKPRS 240
40 HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGSFSSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP 300
ARKVKMRRH* 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

45 (A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:

SCLPEDDDCS	ALLDVLRPYA	VSDFISSIST	ESHASPAHR	QGKHWRHPN	RLELELAAEA	60
QRRVAKEGHG	HDGALEDVDG	VHVGHDAAAG	LVVVDDRAVD	EALGDDAVLH	QLLDHQLMHP	120
VRDLVDVARR	VRGAPGPARA	SAAGPRTCSP	RRRSTCCAGG	PGPPCARCTG	PSRRGTPPHR	180
CGPRSWSTHP	D*					192

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:

MGRCCFYTAG	TLSSLLLVTS	VTLLVARVFQ	KAVDQSIEKK	IVLRNGTEAF	DSWEKPPLPV	60
YTQFYFFNVT	NPEEILRGET	PRVEEVGPYT	YRELNRKANI	QFGDNGTTIS	AVSNKAYVFE	120
RDQSVGDPKI	DLIRTLNIPV	LTVIEWSQVH	FLREIIEAML	KAYQQKLFVT	HTVDELLWGY	180
KDEILSLIHV	FRPDISPFG	LFYEKNGTND	GDYVFLTGED	SYLNFTKIVE	WNGKTSLDWW	240
ITDKCNMING	TDGDSFHPLI	TKDEVLYVFP	SDFCRSVYIT	FSDYESVQGL	PAFRYKVPPE	300
ILANTSDNAG	FCIPEGNCLG	SGVLNVSICK	NGAPIIMSFP	HFYQADERFV	SAIEGMHPNQ	360
40 EDHETFVDIN	PLTGIILKAA	KRFQINIYVK	KLDDFVETGD	IRTMVFPVMY	LNESVHIDKE	420
TASRLKSMIN	TTLIITNIPY	IIMALGVFFG	LVFTWLACKG	QGSMDDEGTAD	ERAPLIRT*	479

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

10 AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR 60
LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NNNLTIFFDV KGHAKHATEA 120
LKKMYMEFPQ LYNNSVVCSE LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWSLSHTG DGKPRYDTFW 180
KHFIFVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFI MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNTFD 240
EKSYYESHIG SSIYITDSMVE DCEPHF* 267

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

35 QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDEDWE 60
EDDAEETALE GYSTIIDDED NPVDEYQIFK AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ 120
DIATLADQRR AAHESKMIEK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APMGN* 166

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 10 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 15 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 20 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 25 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 30 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 35 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 40 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 45 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- 5 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

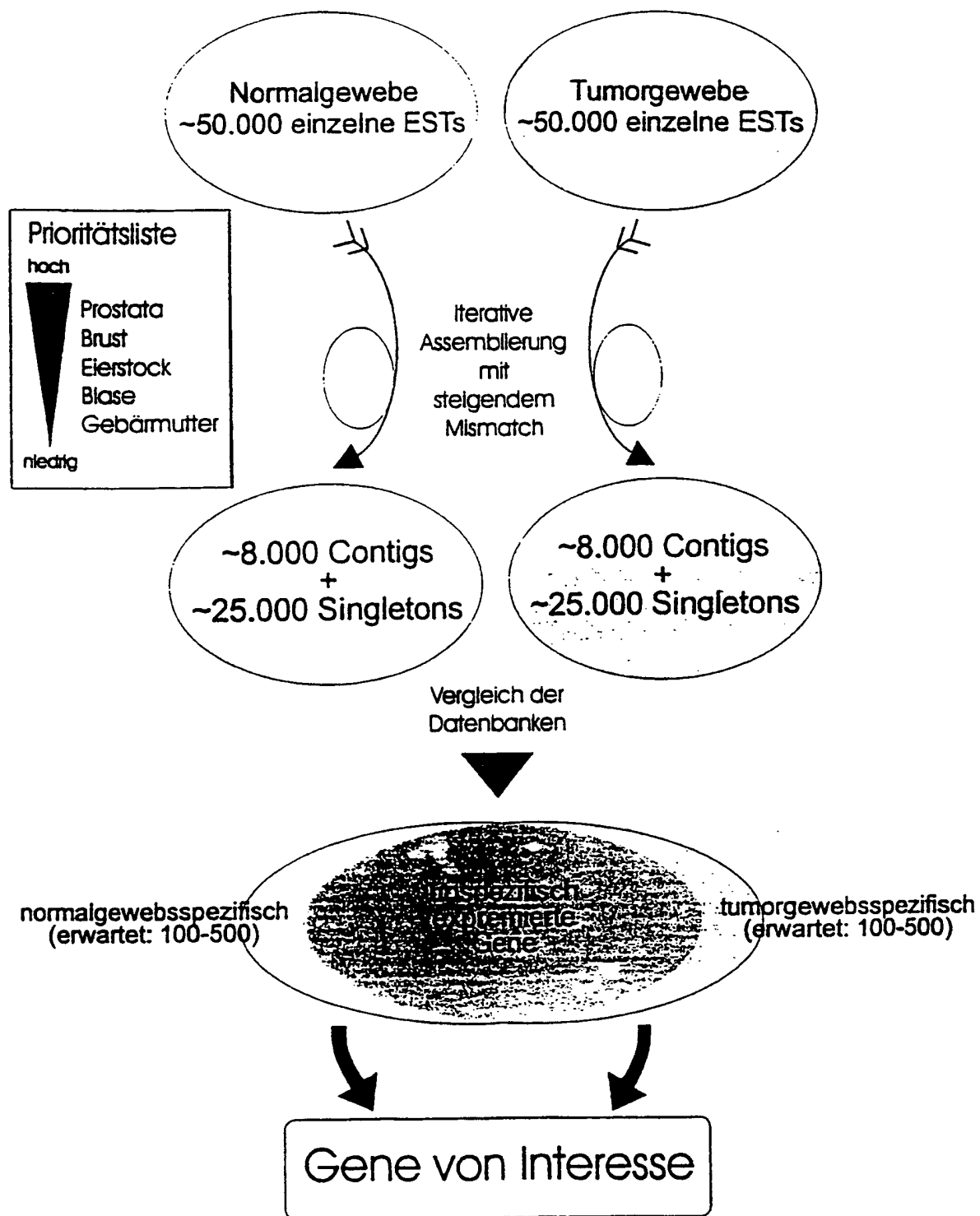


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

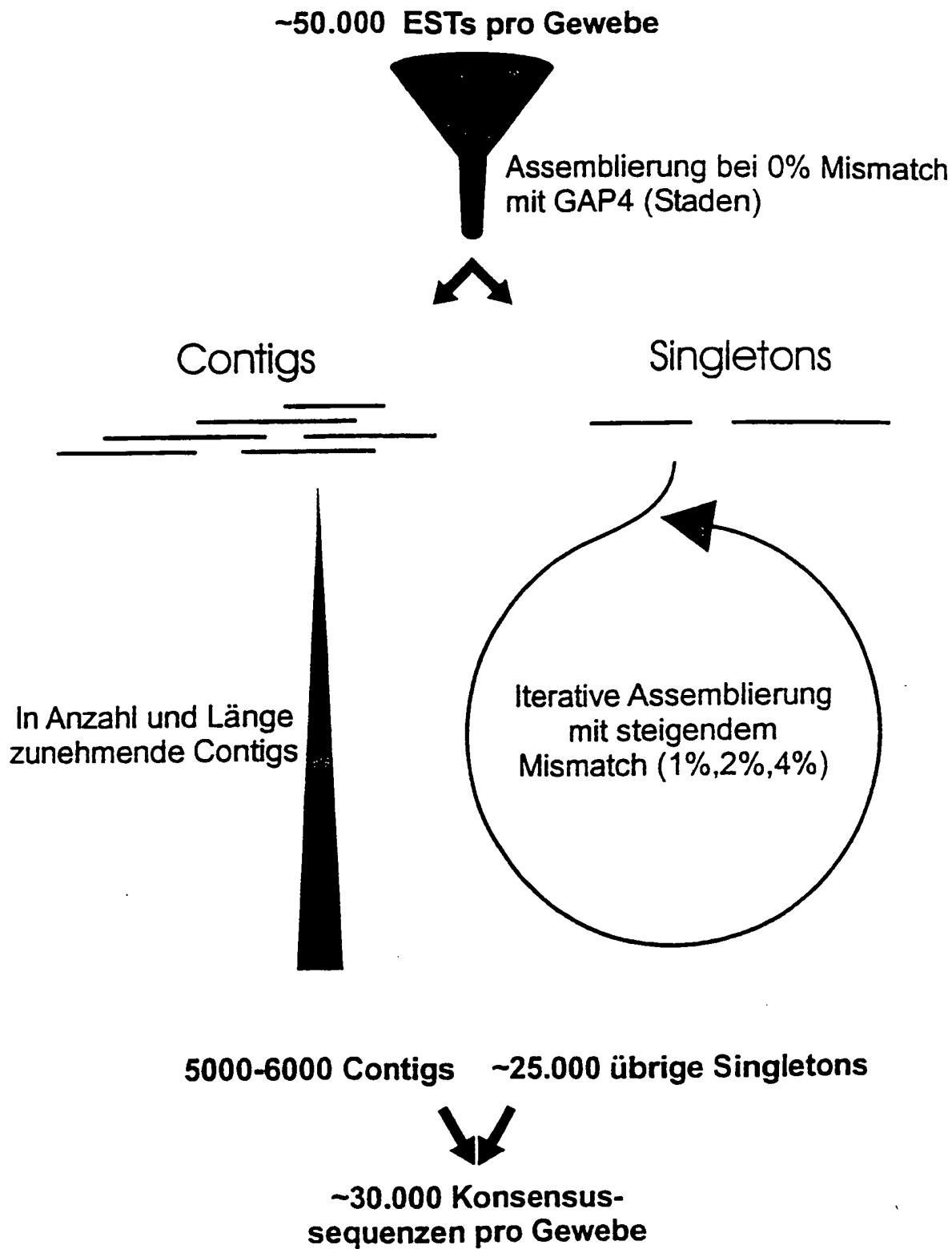


Fig. 2a

3/10

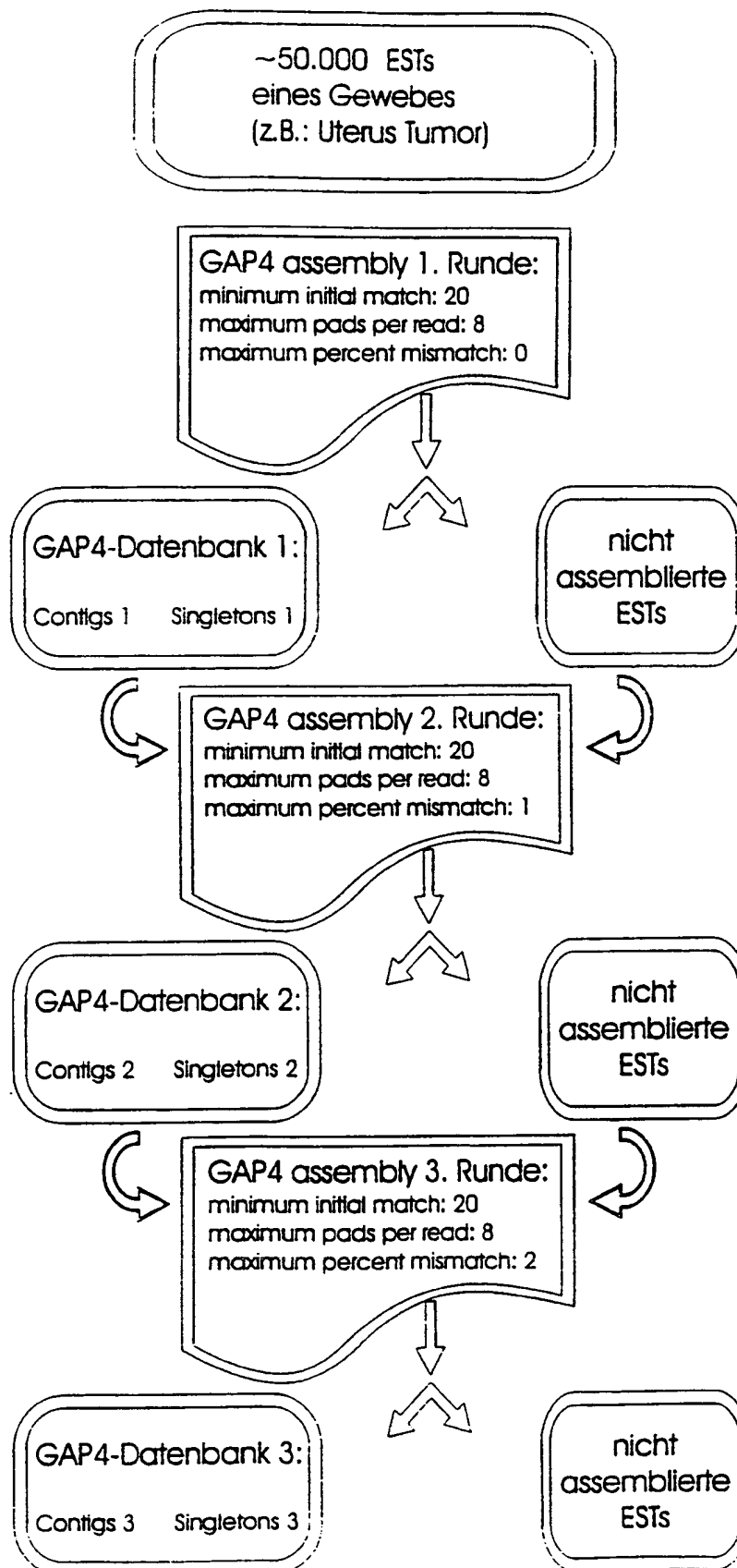


Fig. 2b1

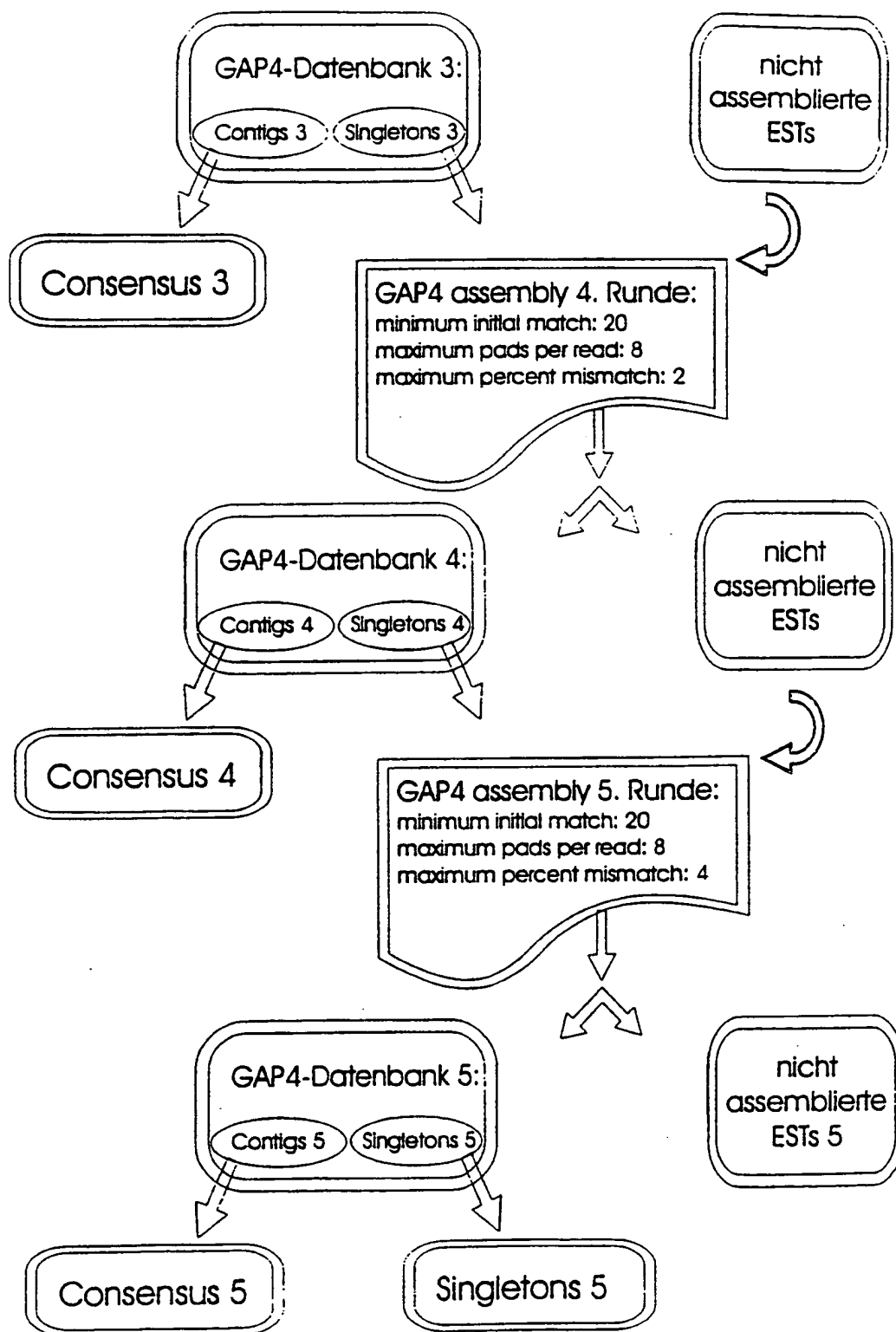


Fig. 2b2

5/10

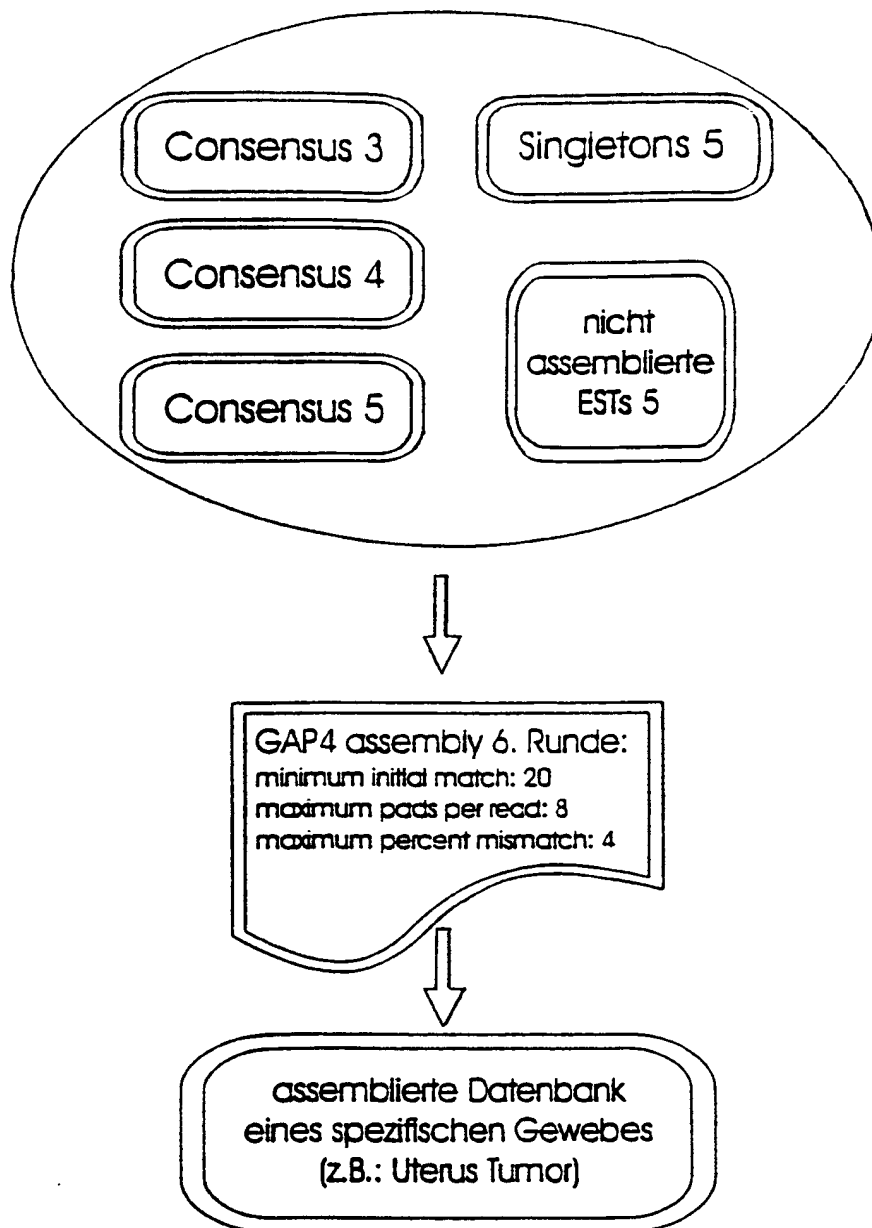


Fig. 2b3

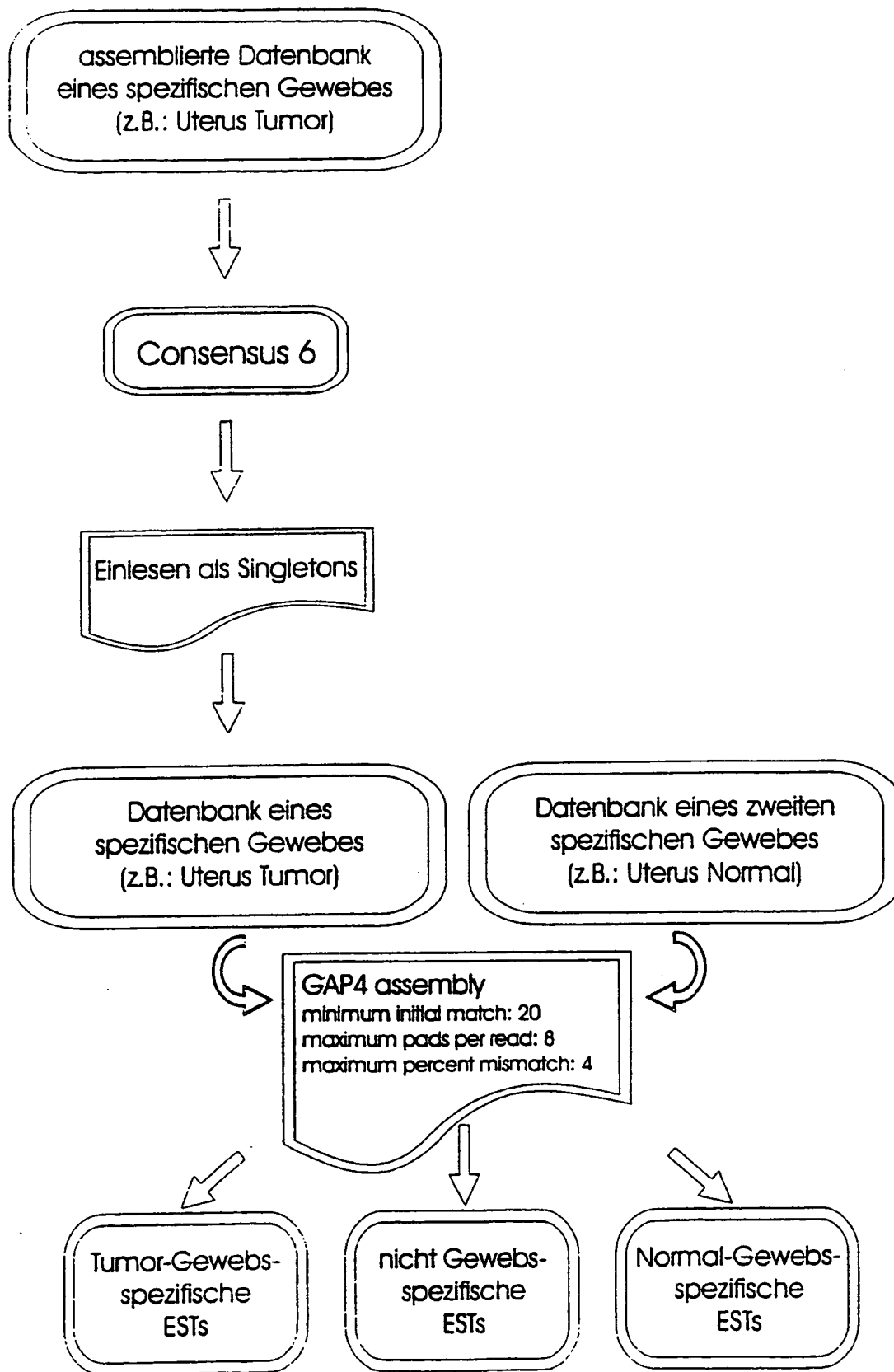


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

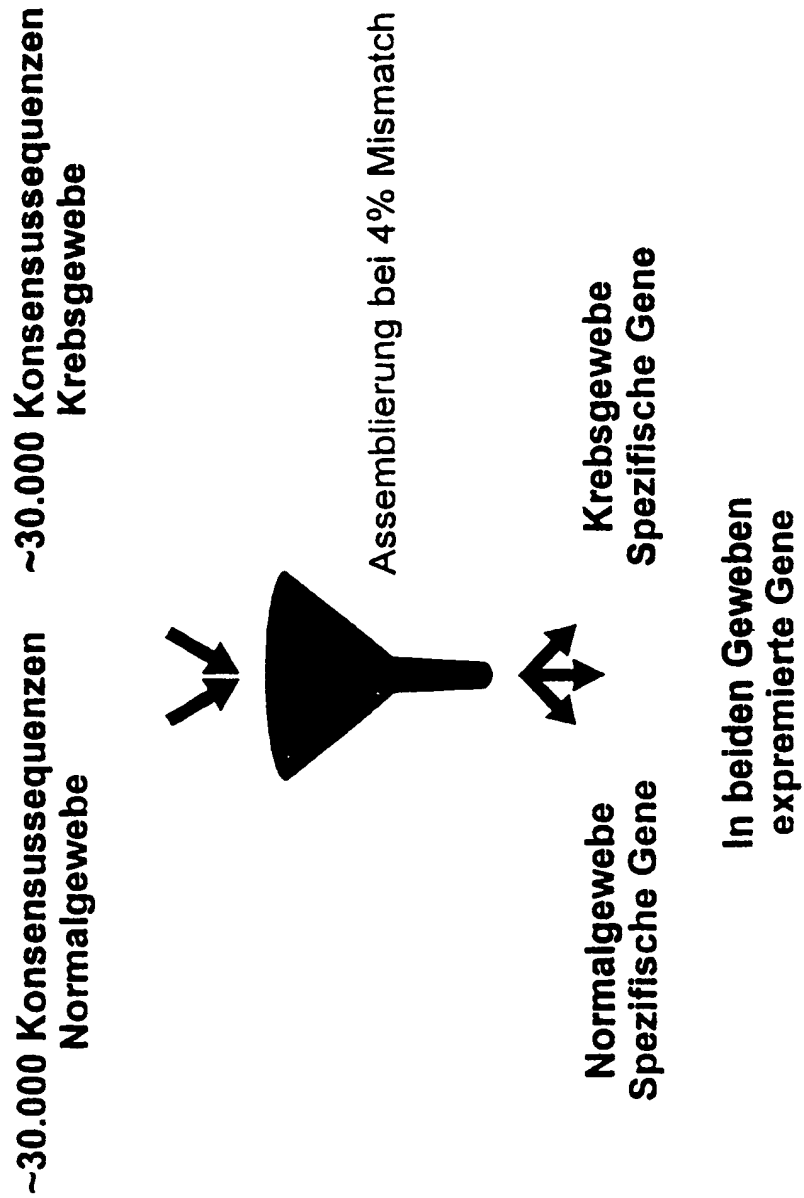


Fig. 3

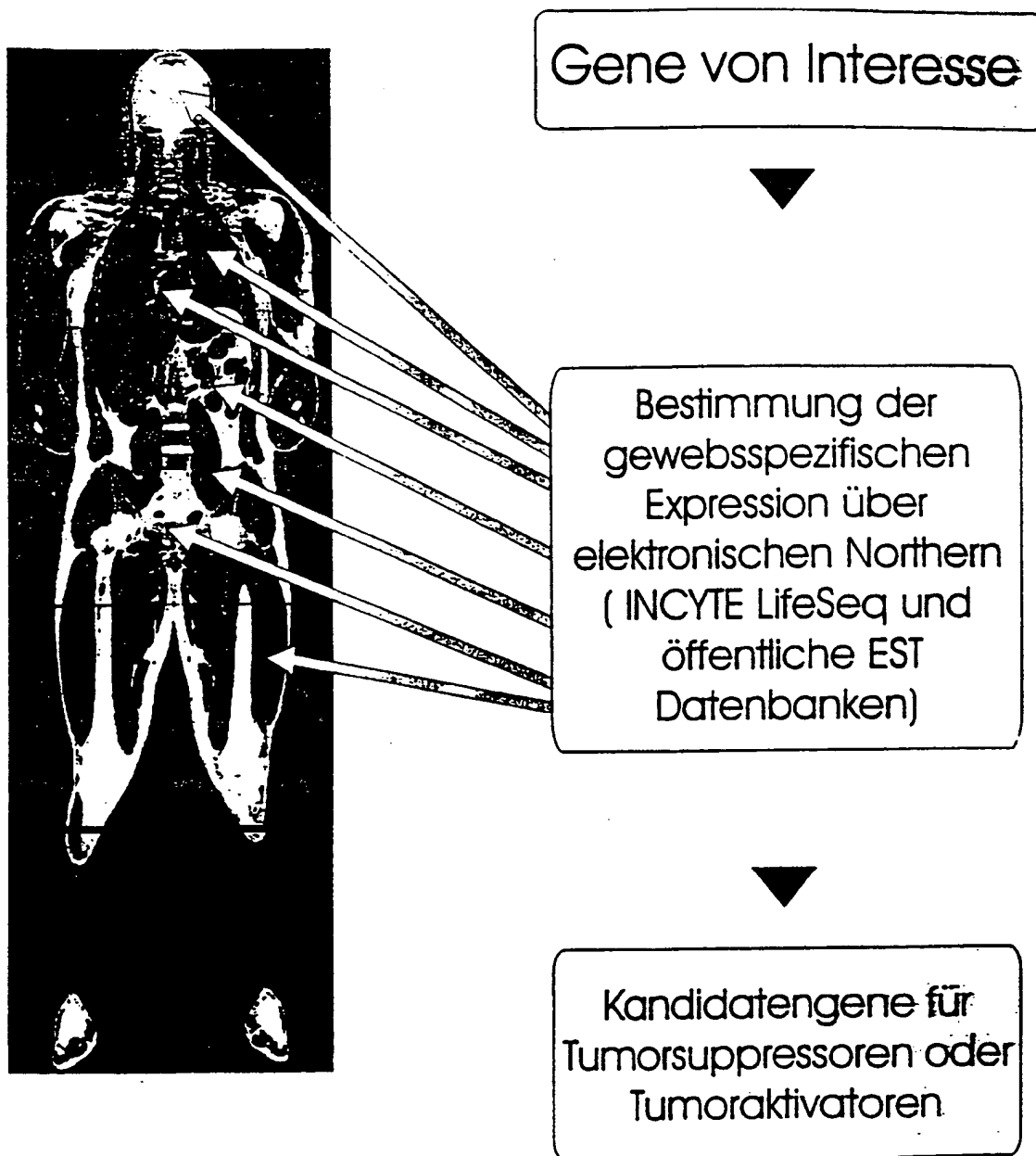


Fig. 4a

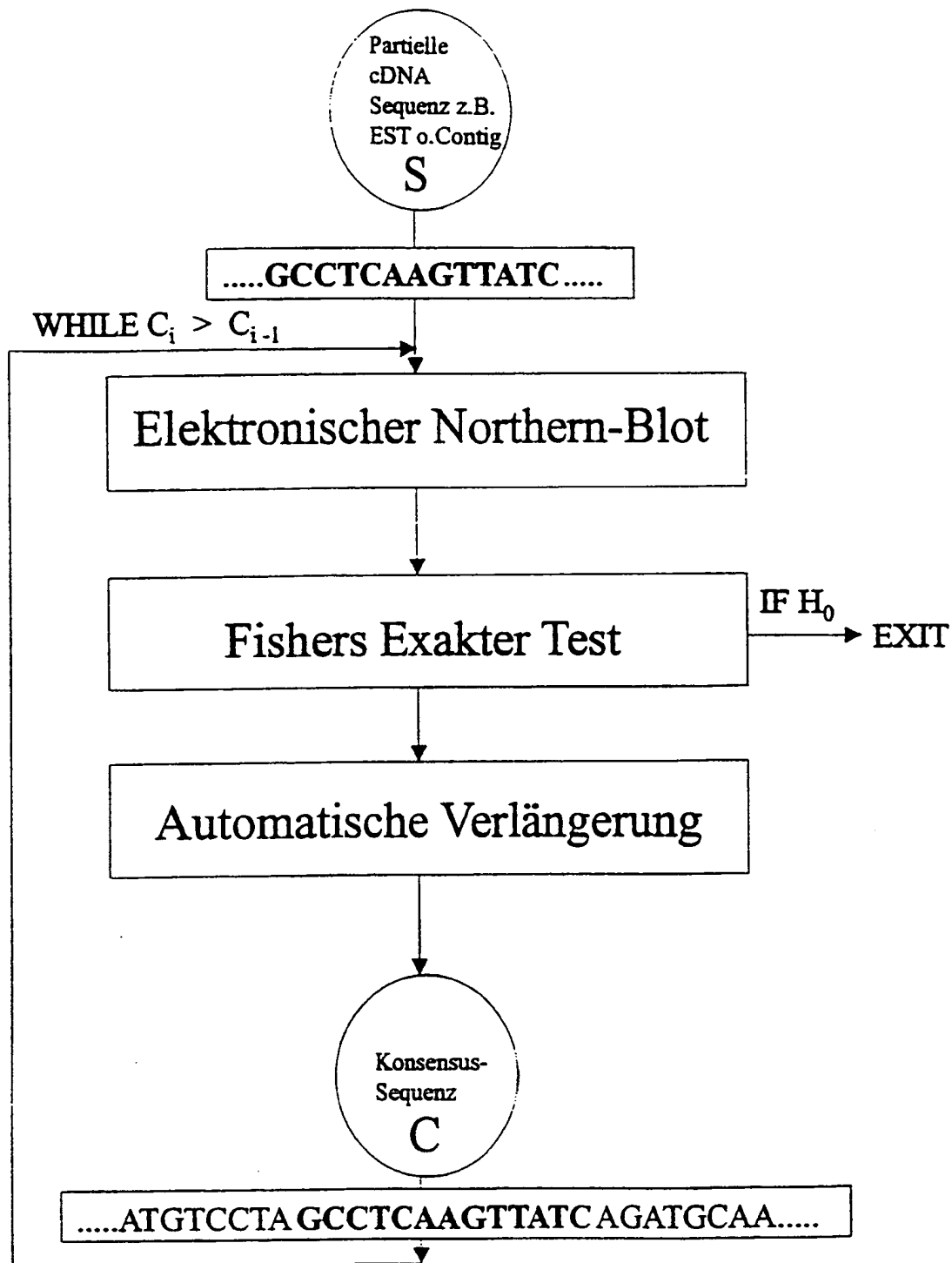


Fig. 4b

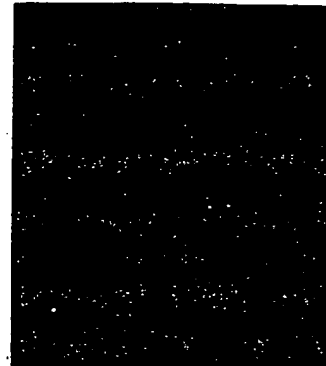
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

THIS PAGE BLANK (USPTO)